



Bescheinigung

Certificate

Attestation

Die angehefteten Unterlagen stimmen mit der ursprünglich eingereichten Fassung der auf dem nächsten Blatt bezeichneten internationalen Patentanmeldung überein.

The attached documents are exact copies of the international patent application described on the following page, as originally filed.

Les documents fixés à cette attestation sont conformes à la version initialement déposée de la demande de brevet international spécifiée à la page suivante.

Den Haag, den
The Hague,
La Haye, le

11. 02. 2002

Der Präsident des Europäischen Patentamts
Im Auftrag
For the President of the European Patent Office
Le Président de l'Office européen des brevets
p. o.


Ulrike Staab

Patentanmeldung Nr.
Patent application n.
Demande de brevet n°

PCT/EP 01/09815



Anmeldung Nr.: PCT/EP 01/09815
Application no.:
Demande n°:

Anmelder: 1. Combinature Biopharm AG - Berlin, Deutschland
Applicant(s): 2. WEITNAUER, Gabriele - Freiburg, Deutschland
Demandeur(s): 3. MÜHLENWEG, Agnes - Berlin, Deutschland

Bezeichnung der Erfindung:
Title of the invention: Avilamycin-Derivate
Titre de l'invention:

Anmeldetag:
Date of filing: 24 August 2001 (24.08.01)
Date de dépôt:

In Anspruch genommene Priorität(en)
Priority(ies) claimed
Priorité(s) revendiquée(s)

Staat: DE	Tag: 25 Februar 2001	Aktenzeichen: 10109166.4
State:	Date: (25.02.01)	File no.
Pays:		Numéro de dépôt:

Benennung von Vertragsstaaten : Siehe Formblatt PCT/RO/101 (beigefügt)
Designation of contracting states : See Form PCT/RO/101 (enclosed)
Désignation d'états contractants : Voir Formulaire PCT/RO/101 (ci-joint)

Bemerkungen:
Remarks: Weitere Anmelder:
Remarques:

4. TREFZER, Axel - Eichstätt, Deutschland
5. BECHTHOLD, Andreas - Kenzingen, Deutschland

Feld Nr. V BESTIMMUNG VON STAATEN Bitte die entsprechenden Kästchen ankreuzen; wenigstens ein Kästchen muß angekreuzt werden.

Die folgenden Bestimmungen nach Regel 4.9 Absatz a werden hiermit vorgenommen:

Regionales Patent

- ☒ **AP ARIPO-Patent:** GH Ghana, GM Gambia, KE Kenia, LS Lesotho, MW Malawi, MZ Mosambik, SD Sudan, SL Sierra Leone, SZ Swasiland, TZ Vereinigte Republik Tansania, UG Uganda, ZW Simbabwe und jeder weitere Staat, der Vertragsstaat des Harare-Protokolls und des PCT ist
- ☒ **EA Eurasisches Patent:** AM Armenien, AZ Aserbaidtschan, BY Belarus, KG Kirgisistan, KZ Kasachstan, MD Republik Moldau, RU Russische Föderation, TJ Tadschikistan, TM Turkmenistan und jeder weitere Staat, der Vertragsstaat des Eurasischen Patentübereinkommens und des PCT ist
- ☒ **EP Europäisches Patent:** AT Österreich, BE Belgien, CH & LI Schweiz und Liechtenstein, CY Zypern, DE Deutschland, DK Dänemark, ES Spanien, FI Finnland, FR Frankreich, GB Vereinigtes Königreich, GR Griechenland, IE Irland, IT Italien, LU Luxemburg, MC Monaco, NL Niederlande, PT Portugal, SE Schweden, TR Türkei und jeder weitere Staat, der Vertragsstaat des Europäischen Patentübereinkommens und des PCT ist
- ☒ **OA OAPI-Patent:** BF Burkina Faso, BJ Benin, CF Zentralafrikanische Republik, CG Kongo, CI Côte d'Ivoire, CM Kamerun, GA Gabun, GN Guinea, GW Guinea-Bissau, ML Mali, MR Mauretanien, NE Niger, SN Senegal, TD Tschad, TG Togo und jeder weitere Staat, der Vertragsstaat der OAPI und des PCT ist (falls eine andere Schutzrechtsart oder ein sonstiges Verfahren gewünscht wird, bitte auf der gepunkteten Linie angeben)

Nationales Patent (falls eine andere Schutzrechtsart oder ein sonstiges Verfahren gewünscht wird, bitte auf der gepunkteten Linie angeben):

- | | | |
|-----------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------|
| <input checked="" type="checkbox"/> AE Vereinigte Arabische Emirate | <input checked="" type="checkbox"/> GE Georgien | <input checked="" type="checkbox"/> MW Malawi |
| <input checked="" type="checkbox"/> AG Antigua und Barbuda | <input checked="" type="checkbox"/> GH Ghana | <input checked="" type="checkbox"/> MX Mexiko |
| <input checked="" type="checkbox"/> AL Albanien | <input checked="" type="checkbox"/> GM Gambia | <input checked="" type="checkbox"/> MZ Mosambik |
| <input checked="" type="checkbox"/> AM Armenien | <input checked="" type="checkbox"/> HR Kroatien | <input checked="" type="checkbox"/> NO Norwegen |
| <input checked="" type="checkbox"/> AT Österreich | <input checked="" type="checkbox"/> HU Ungarn | <input checked="" type="checkbox"/> NZ Neuseeland |
| <input checked="" type="checkbox"/> AU Australien | <input checked="" type="checkbox"/> ID Indonesien | <input checked="" type="checkbox"/> PL Polen |
| <input checked="" type="checkbox"/> AZ Aserbaidtschan | <input checked="" type="checkbox"/> IL Israel | <input checked="" type="checkbox"/> PT Portugal |
| <input checked="" type="checkbox"/> BA Bosnien-Herzegowina | <input checked="" type="checkbox"/> IN Indien | <input checked="" type="checkbox"/> RO Rumänien |
| | <input checked="" type="checkbox"/> IS Island | <input checked="" type="checkbox"/> RU Russische Föderation |
| <input checked="" type="checkbox"/> BB Barbados | <input checked="" type="checkbox"/> JP Japan | |
| <input checked="" type="checkbox"/> BG Bulgarien | <input checked="" type="checkbox"/> KE Kenia | <input checked="" type="checkbox"/> SD Sudan |
| <input checked="" type="checkbox"/> BR Brasilien | <input checked="" type="checkbox"/> KG Kirgisistan | <input checked="" type="checkbox"/> SE Schweden |
| <input checked="" type="checkbox"/> BY Belarus | <input checked="" type="checkbox"/> KP Demokratische Volksrepublik Korea | <input checked="" type="checkbox"/> SG Singapur |
| <input checked="" type="checkbox"/> BZ Belize | <input checked="" type="checkbox"/> KR Republik Korea | <input checked="" type="checkbox"/> SI Slowenien |
| <input checked="" type="checkbox"/> CA Kanada | <input checked="" type="checkbox"/> KZ Kasachstan | <input checked="" type="checkbox"/> SK Slowakei |
| <input checked="" type="checkbox"/> CH & LI Schweiz und Liechtenstein | <input checked="" type="checkbox"/> LC Saint Lucia | <input checked="" type="checkbox"/> SL Sierra Leone |
| <input checked="" type="checkbox"/> CN China | <input checked="" type="checkbox"/> LK Sri Lanka | <input checked="" type="checkbox"/> TJ Tadschikistan |
| <input checked="" type="checkbox"/> CO Kolumbien | <input checked="" type="checkbox"/> LR Liberia | <input checked="" type="checkbox"/> TM Turkmenistan |
| <input checked="" type="checkbox"/> CR Costa Rica | <input checked="" type="checkbox"/> LS Lesotho | <input checked="" type="checkbox"/> TR Türkei |
| <input checked="" type="checkbox"/> CU Kuba | <input checked="" type="checkbox"/> LT Litauen | <input checked="" type="checkbox"/> TT Trinidad und Tobago |
| <input checked="" type="checkbox"/> CZ Tschechische Republik | <input checked="" type="checkbox"/> LU Luxemburg | <input checked="" type="checkbox"/> TZ Vereinigte Republik Tansania |
| <input checked="" type="checkbox"/> DE Deutschland | <input checked="" type="checkbox"/> LV Lettland | <input checked="" type="checkbox"/> UA Ukraine |
| <input checked="" type="checkbox"/> DK Dänemark | <input checked="" type="checkbox"/> MA Marokko | <input checked="" type="checkbox"/> UG Uganda |
| <input checked="" type="checkbox"/> DM Dominica | <input checked="" type="checkbox"/> MD Republik Moldau | <input checked="" type="checkbox"/> US Vereinigte Staaten von Amerika |
| <input checked="" type="checkbox"/> DZ Algerien | <input checked="" type="checkbox"/> MG Madagaskar | <input checked="" type="checkbox"/> UZ Usbekistan |
| <input checked="" type="checkbox"/> EE Estland | <input checked="" type="checkbox"/> MK Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien | <input checked="" type="checkbox"/> VN Vietnam |
| <input checked="" type="checkbox"/> ES Spanien | <input checked="" type="checkbox"/> MN Mongolei | <input checked="" type="checkbox"/> YU Jugoslawien |
| <input checked="" type="checkbox"/> FI Finnland | | <input checked="" type="checkbox"/> ZA Südafrika |
| <input checked="" type="checkbox"/> GB Vereinigtes Königreich | | <input checked="" type="checkbox"/> ZW Simbabwe |
| <input checked="" type="checkbox"/> GD Grenada | | |

Kästchen für die Bestimmung von Staaten, die dem PCT nach der Veröffentlichung dieses Formblatts beigetreten sind.

- ☒ Equador EC ☐ Guinea ☐
- ☒ Äquatorial Guinea GA ☐

Erklärung bzgl. vorsorglicher Bestimmungen: Zusätzlich zu den oben genannten Bestimmungen nimmt der Anmelder nach Regel 4.9 Absatz b auch alle anderen nach dem PCT zulässigen Bestimmungen vor mit Ausnahme der im Zusatzfeld genannten Bestimmungen, die von dieser Erklärung ausgenommen sind. Der Anmelder erklärt, daß diese zusätzlichen Bestimmungen unter dem Vorbehalt einer Bestätigung stehen und jede zusätzliche Bestimmung, die vor Ablauf von 15 Monaten ab dem Prioritätsdatum nicht bestätigt wurde, nach Ablauf dieser Frist als vom Anmelder zurückgenommen gilt. (Die Bestätigung (einschließlich der Gebühren) muß beim Anmeldeamt innerhalb der Frist von 15 Monaten eingehen.)

C001P005W0

24. August 2001

5

Anmelderin:

Combinature Biopharm AG

Robert -Rössle-Str. 10

10

13125 Berlin

Avilamycin-Derivate

15

Die Erfindung betrifft Avilamycin-Derivate (im folgenden auch als Gavibamycine bezeichnet), gentechnologische biosynthetische Verfahren zu deren Herstellung, Arzneimittel enthaltend diese Verbindungen, sowie die Verwendung dieser Verbindungen zur Herstellung eines Arzneimittels, bspw. gegen Infektionskrankheiten, wie auch Nukleinsäuren, Proteine und Gencluster und entsprechende Zellen, die mit der Herstellung dieser Avilamycin-Derivate verbunden sind.

Das Aufkommen pathogener, gegen Antibiotika multiresistenter Bakterien stellt eine wachsende Bedrohung der menschlichen Gesundheit dar und hat die Suche nach neuen Wirkstoffen verstärkt. Immer weniger neue Wirkstoffe sind in den letzten zwei Jahrzehnten bei zielspezifischen Wirkstoff-Screenings angefallen, so daß Forscher begonnen haben, neben der Suche nach neuen antibiotischen Wirkstoffen auch neue Technologien zur Herstellung neuer Verbindungen zu nutzen. Eine vielversprechende neue Technologie wird als kombinatorische

30

Biosynthese bezeichnet und benutzt biosynthetische Gene als Mittel zur Herstellung neuer Wirkstoffe.

Eine unter anderem in diesem Kontext interessante Verbindungsklasse sind die Orthosomycine. Sie sind eine bekannte Klasse von Antibiotika, die von verschiedenen Actinomyceten hergestellt werden. Mitglieder dieser Klasse wirken auf eine breite Palette gram-positiver pathogener Bakterien, inklusive glycopeptid-resistenter Enterococcen, methicillin-resistenter Staphylococcen und penicillin-resistenter Streptococcen.

10

Prominente Beispiele an Orthosomycinen sind Avilamycine und Evernimycine, die von *Streptomyces viridochromogenes* Tü57 bzw. *Micromonospora carbonacea* hergestellt werden. Diese Antibiotika bestehen aus einer Heptasaccharid-Seitenkette und einer vom Polyketid (Acetateinheiten) abgeleiteten Dichlorisoevernin-Säure als Aglykon, wobei die Zucker-Reste zum Teil über Orthoesterbindungen miteinander verknüpft sind. Diese Bindung gibt der ganzen Klasse von Orthosomycinen den Namen. Der genaue Wirkmechanismus der Orthosomycine ist unbekannt. Während für ein bestimmtes Orthosomycin (Ziracin) ein Zellmembraneffekt diskutiert wurde (Walker, 1976; Langer, 1987), wird in neueren Publikationen eine Wechselwirkung mit dem ribosomalen Protein L16 angeführt (Foster und Rybak, 1999). Für ein anderes Orthosomycin, Avilamycin A, wird eine Hemmung der Proteinbiosynthese angenommen und eine Inhibition des Translations-Initiationskomplexes vorgeschlagen (Wolf, 1973).

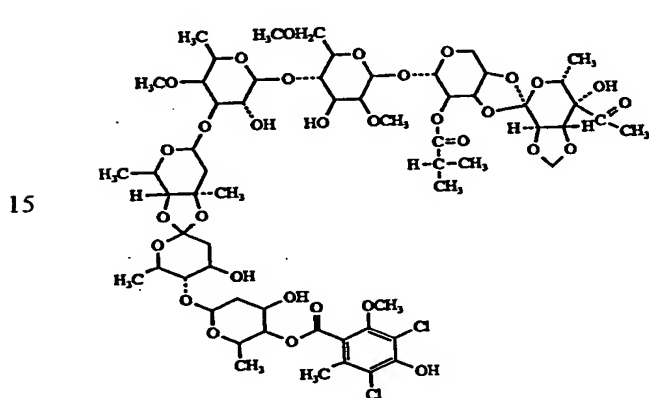
Die bekannten Avilamycine wurden 1959 aus Kulturfiltraten von *Streptomyces viridochromogenes* Tü57 isoliert (Buzzetti, et al., 1968; Mertz et al., 1986). Wie oben bereits angedeutet ist Avilamycin A, eine der Hauptkomponenten, aus Zuckern aufgebaut. Einzelkomponenten sind D-

30

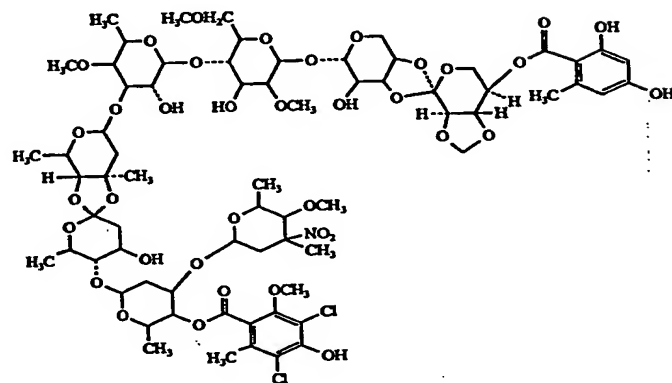
Olivose, 2-Desoxy-D-Evalose, 4-O-Methyl-D-fucose, 2,6-Di-O-Methyl-D-mannose, L-Lyxose und Methyl-Eurekanat. In Studien wies Avilamycin A ausgezeichnete Aktivität gegen multiresistente *Staphylococcus aureus* - Stämme auf (Zähner, 1999). Neben den Orthoestern soll der terminale

5 Dichloroisoeberninsäure-Rest für die Wirksamkeit essentiell sein (Wright, 1979). Die DE 1116864 beschreibt wie die US 3,131,126 die Stoffklasse der Avilamycine inclusive eines allgemeinen Hinweises auf Derivate sowie Herstellung und Wirkung von Avilamycinen.

10 Ebenfalls zur Gruppe der Orthosomycine gehört Ziracin. Ziracin (SCH27899) ist ein Evernimycin und wurde bereits klinisch getestet.



Avilamycin A



Ziracin

20

Sowohl beim Avilamycin A als auch beim Ziracin hat sich in der Praxis allerdings gezeigt, daß der therapeutische Einsatz durch die zu geringe Hydrophilie beschränkt zu sein scheint.

25

Gerade für die Klasse der Orthosomycine und insbesondere für die Avilamycine dürfte molekulares Klonieren und Charakterisieren der die Biosynthese von Avilamycin A bestimmenden Enzyme von großem Interesse sein, da diese Information die Richtung für die Entwicklung

neuer (antimikrobieller) Antibiotika vorgeben könnte. Die Gene sind ein interessantes System, um die Bildung und Verknüpfung ungewöhnlicher Desoxyzucker zu studieren und damit unter Umständen für eine kombinatorische Biosynthese von großem Wert.

5

Vorherige Arbeit am biosynthetischen Gencluster von Avilamycinen führte zur Entschlüsselung der Sequenz eines NDP-Glucose-Synthase-Gens (*aviD* [laufende Nr. 53 gemäß Tabelle 1]), eines NDP-Glucose-4,6-Dehydratase-Gens (*aviE1* [laufende Nr. 54 gemäß Tabelle 1]) und eines
10 Polyketid-Synthase-Gens (*aviM* [laufende Nr. 52 gemäß Tabelle 1]). Diese haben vermutlich eine Funktion als Teil einer iterativen Typ I Polyketid-Synthase zur Bildung von Orsellinsäure, einem Zwischenprodukt in der Biosynthese von Dichloroisoeberninsäure. Die Expression von *aviM* in *S. lividans* führte zur Bildung von Orsellinsäure [Gaisser, S., Trefzer, A.,
15 Stockert, S., Kirschning, A., & Bechthold, A. (1997), J Bacteriol. 179, 6271-6278].

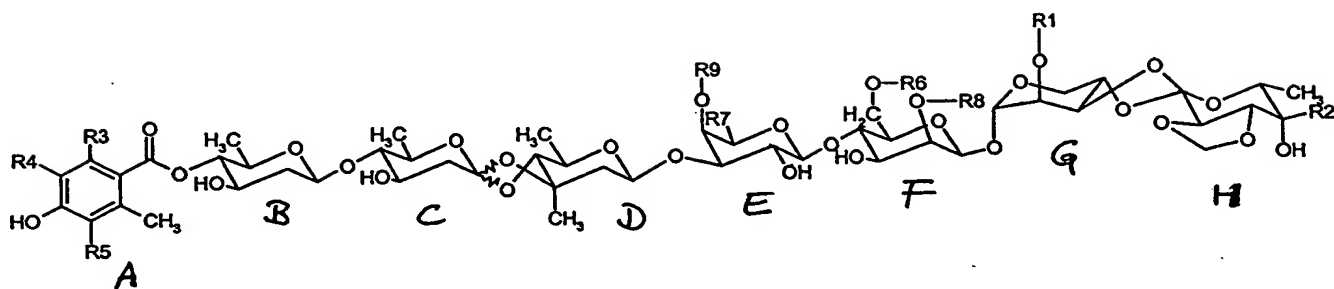
Neben dem Auffinden und Identifizieren geeigneter Enzymsysteme und Synthesewege war es daher Aufgabe der Erfindung, neue Antibiotika zur
20 Verfügung zu stellen, insbesondere auch solche, die eine verbesserte Hydrophilie aufweisen.

Überraschenderweise stellte sich heraus, daß bestimmte, im Stand der Technik nicht vorbeschriebene Avilamycin-Derivate (erfindungsgemäß
25 auch als Gavibamycine bezeichnet) - insbesondere mit einem in entscheidenden Bereichen gegenüber dem Avilamycin A veränderten Substitutionsmuster - diese Aufgabe lösen können und sowohl antibiotische Wirkung als auch verbesserte Hydrophilie zeigen. Ein Gegenstand der Erfindung ist daher ein Avilamycin-Derivat gemäß
30 allgemeiner Formel I, auch in Form seiner Diastereomere oder

Enantiomere bzw. razemischer oder anderer Gemische oder reiner
Diastereomere und/oder Enantiomere,

5

10



15

I

20

, worin unabhängig voneinander mit unten folgender Ausnahme

R1 ausgewählt ist aus H, COCH₃, COC₄H₉, COCH(CH₃)₂ oder
COCH₂CH₃,

25

R2 ausgewählt ist aus H, CHO, COCH₃ oder CH(OH)CH₃,

R3 OCH₃ entspricht,

30

R4 Cl entspricht,

R5 Cl entspricht,

R6 CH₃ entspricht,

5 R7 H, CH₃ oder CH₂OH entspricht,

R8 CH₃ entspricht

und

10

R9 CH₃ entspricht,

worin in Bezug auf mindestens einen der Reste R3-R6, R8 oder R9 in
Formel I abweichend von der voranstehenden Definition folgendes gilt:

15

R3 ist durch OH zu ersetzen,

R4 ist durch H zu ersetzen,

20

R5 ist durch H zu ersetzen,

R6 ist durch H zu ersetzen,

R8 ist durch H zu ersetzen

25

und/oder

R9 ist durch H zu ersetzen,

mit der Maßgabe, daß R1-R9 nicht gleichzeitig die Bedeutungen gemäß der jeweiligen Kombination in einer der Verbindungen 1 - 4 annehmen können:

Nr.	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9
1	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
2	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
3	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
4	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃

5

Dabei ist unter dem Ausdruck „mit unten folgender Ausnahme“ zu verstehen, daß es Ausnahmen von den diesem Ausdruck unmittelbar folgenden generellen Definitionen der Reste R1-R9 gibt, die mit der Phrase „worin in Bezug auf mindestens einen der Reste R3-R6, R8 oder R9 in Formel I abweichend von der voranstehenden Definition folgendes gilt“ eingeleitet werden.

Die erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate zeichnen sich insgesamt neben ihrer überraschend starken antibiotischen Aktivität insbesondere gegen *Staphylococcus aureus*, insbesondere auch durch eine gegenüber den bekannten Orthosomycinen wie Avilamycin A oder C sowie Evernimycin (=Everninomycin, =Evernimicin) deutlich verbesserten Hydrophilie aus. Gerade diese erhöhte Hydrophilie macht diese Verbindungen aber zu attraktiven, insbesondere antibiotischen Wirkstoffen, da eine erhöhte Hydrophilie in bestimmten therapeutischen Anwendungen sehr erwünscht ist. Außerdem gilt für dieses wie für alle – auch folgend beschriebenen - erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate, daß es eine Struktur aufweist, die sich einer klassischen organischen Synthese nur mit großer Mühe erschließt. Der hier zugrundeliegende Einsatz einer gentechnologischen Biosynthese zur Herstellung der

erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate erschließt damit veränderte, neue und bisher nicht zugängliche Wirkstoffe, insbesondere Antibiotika.

- 5 Bevorzugt ist im Rahmen dieser Erfindung ein erfindungsgemäßes Avilamycin-Derivat, in dem mindestens R3 durch OH zu ersetzen ist, mit der Maßgabe, daß R1-R9 nicht gleichzeitig die Bedeutungen gemäß der Kombination in der Verbindung 1 annehmen können:

Nr.	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9
1	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃

- 10 Ebenfalls bevorzugt ist ein erfindungsgemäßes Avilamycin-Derivat, in dem mindestens R4 und R5 in Formel I durch H zu ersetzen sind.

- 15 Ebenfalls bevorzugt ist ein erfindungsgemäßes Avilamycin-Derivat, in dem mindestens R6, R8 und/oder R9 durch H zu ersetzen ist/sind, mit der Maßgabe, daß R1-R9 nicht gleichzeitig die Bedeutungen gemäß der Kombination in der Verbindung 3 oder nicht gleichzeitig die Bedeutungen gemäß der Kombination in der Verbindung 4 annehmen können:

Nr.	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9
3	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
4	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃

- 20 Besonders bevorzugt ist es weiter, diese Merkmale zu kombinieren, was zu einem erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivat führt, in dem zum einen mindestens R3 durch OH zu ersetzen ist und zum anderen mindestens R4 und R5 durch H zu ersetzen sind oder mindestens R6, R8 und/oder R9 durch H zu ersetzen ist/sind.

- 25 Ein besonders bevorzugter Gegenstand der Erfindung, der die Aufgabe in besonders günstiger Weise löst, ist dabei ein Avilamycin-Derivat gemäß

allgemeiner Formel I, das ausgewählt ist aus Verbindungen, in denen R1-R9 jeweils die in folgender Tabelle angegebene Bedeutung haben, wie folgt kombiniert sind:

R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₂ CH ₃	H	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
H	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
H	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COC ₄ H ₉	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₂ OH	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CHO	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	H	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₂ CH ₃	H	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₃	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
H	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
H	CH(OH)CH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COC ₄ H ₉	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₂ OH	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CHO	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	H	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₂ CH ₃	H	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
H	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃

COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
H	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COC ₄ H ₉	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₂ OH	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CHO	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	H	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH ₂ CH ₃	H	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
H	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
H	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COC ₄ H ₉	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	H	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₂ OH	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CHO	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	H	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH ₂ CH ₃	H	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
H	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
H	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COC ₄ H ₉	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₂ OH	CH ₃	H
COCH(CH ₃) ₂	CHO	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	H	CH ₃	H

COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH ₂ CH ₃	H	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
H	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
H	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	H	CH ₃	H	H
COC ₄ H ₉	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	H	H	CH ₃	H	H
COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₂ OH	H	H
COCH(CH ₃) ₂	CHO	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	H	H	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H

, vorzugsweise

R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H

5

Die Aufgabe wird auch durch Avilamycin-Derivate gelöst, die durch ein besonderes Verfahren, das gentechnologische Manipulationen und Biosynthese beinhaltet, herstellbar ist. Ein weiterer Gegenstand der Erfindung ist daher ein Avilamycin-Derivat, das dadurch erhältlich ist, daß

10 in einer kultivierbaren Zelle, die die nötigen Gene bzw. Enzyme zur Synthese eines Orthosomycin-Grundkörpers bestehend aus

- (a) einem endständigen Dichloroisoeberninsäure-Rest (A in Formel I) und
- (b) einem damit veresterten, über normale Esterbindung und Orthoesterbindungen verknüpften Heptasaccharid (B bis H in Formel I) aus:

- (i) zwei D-Olucose-Resten (B und C)
- (ii) einem 2-Desoxy-D-Galactose-Rest (D),
- (iii) einem D-Fucose-Rest (E),
- (iv) einem D-Mannose-Rest (F),
- (v) einem L-Lyxose-Rest (G) und
- (vi) einem (Methyl-)Eurekanat Rest (H)

aufweist, mindestens eine Nukleinsäure, deren Sequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Abbildungen 1 bis 54 entspricht, gentechnologisch verändert, deletiert und/oder nicht exprimiert wird, die so modifizierte Zelle kultiviert wird, der Kulturüberstand gewonnen und aufgearbeitet wird, das oder die Avilamycin-Derivat/e aufgereinigt und isoliert wird/werden und gegebenenfalls verschiedene Derivate getrennt werden,

mit der Maßgabe, daß R1-R9 nicht gleichzeitig die Bedeutungen gemäß der jeweiligen Kombination in einer der Verbindungen 1 - 16 annehmen können:

Nr	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9
1	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
2	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
3	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
4	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃

5	COCH(CH ₃) ₂	CHO	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
6	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	H	CH ₃	CH ₃
7	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
8	COCH ₂ CH ₃	H	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
9	COCH ₃	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
10	COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
11	H	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
12	COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
13	H	CH(OH)CH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
14	COC ₄ H ₉	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
15	COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
16	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₂ OH	CH ₃	CH ₃

Dabei versteht man im Sinne der Erfindung darunter, daß „die Zelle die nötigen Gene bzw. Enzyme zur Synthese eines Orthosomycin-Grundkörpers aufweist“, daß in der Zelle die für die notwendigen Enzyme kodierenden Gene und/oder die funktionsfähigen Enzyme selbst vorhanden sind, die für die Synthese eines „Orthosomycin-Grundkörpers“ aus den üblicherweise vorhandenen Vorstufen nötig sind. Beispiele wären das erfindungsgemäße Gencluster gemäß Abb. 109 oder die „Open Reading Frames“ (ORF) bzw. Gene gemäß laufender Nummer 1-54 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1 bzw. die zugehörigen Enzyme bzw. Proteine gemäß laufender Nummer 55-108 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1.

Die Definition des „Orthosomycin-Grundkörpers“ ist bereits angegeben, wobei die Anordnung der Ortho- und der normalen Esterbindung der Formel I zu entnehmen ist. Einen solchen Grundkörper weisen unter anderem Avilamycine und Evernimycine sowie erfindungsgemäße Avilamycin-Derivate auf (s. Formel I).

Weiter versteht man im Sinne dieser Erfindung unter Gen einen Abschnitt der DNA, von dem ein einzelnes mRNA-Molekül (das dann in ein einzelnes Polypeptid oder Protein translatiert wird) oder ein funktionelles RNA-Molekül (rRNA, tRNA) transkribiert wird.

Im Sinne dieser Erfindung versteht man weiter unter „Open Reading Frame“ (ORF) einen DNA-Abschnitt, der mit einem Start-Codon beginnt, mit einem End-Codon endet und eine ununterbrochene Folge von Codons für Aminosäuren enthält. Der Begriff „Open Reading Frame“ (ORF) wird hier zur Beschreibung eines klonierten und sequenzierten DNA-Abschnitts verwendet, der einem Gen entspricht.

Unter Codon versteht man die kodierende genetische Grundeinheit. Sie besteht aus einem Triplet von drei konsekutiven Nukleotiden, die entweder für eine Aminosäure oder den Beginn oder das Ende einer Polypeptidkette kodieren.

Weiter sind im Sinne dieser Erfindung unter kultivierbaren Zellen Zellen zu verstehen, die *in-vitro* in festem oder flüssigem Medium ernährt durch eine flüssige oder verfestigte Nährlösung, dem Kulturmedium, wachsen und sich vermehren. Im engeren Sinne sind dies insbesondere Zellen von Mikroorganismen oder leicht transfizierbare Zellen, in denen entsprechende Gene zur Expression gebracht werden können. Es können dies beispielsweise grampositive und gramnegative Bakterienzellen, wie z.B. Streptomyces-Zellen (z.B. *Streptomyces viridochromogenes* Tü 57), aber eben auch Systeme wie Säugetierzellen, z.B. CHO-Zellen (Chinese Hamster Ovary), oder immortalisierte Zelllinien, z.B. HeLa- oder HEK-Zellen, aber auch Insekten-, Fisch-, Amphibien-, Pilze- oder Hefezellen etc. sein.

Unter einer Nukleinsäure versteht man im Sinne dieser Erfindung die Grundeinheit von DNA und RNA und damit insbesondere auch die Grundeinheit eines Gens und eines ORF. Entsprechend kann eine Nukleinsäure ein Gen bzw. einen ORF umfassen und eine bestimmte Nukleinsäuresequenz (die Abfolge der Basen auf dem Phosphat-Zucker-

Rückgrat einer Nukleinsäure) entsprechend ein Gen bzw. einen ORF definieren. Unter Nukleinsäure werden auch Sequenzen verstanden, die neben den kodierenden Bereichen auch weitere Sequenzbereiche, insbesondere am 5'- oder am 3'-Ende des kodierenden Bereichs, 5 enthalten. Diese Sequenzen können funktionslos sein oder aber Promotor- oder Enhancer-Signale, bevorzugt bakterielle bzw. dem zur Expression herangezogenen Wirtszellsystem entsprechende Signale, sein. Ganz besonders bevorzugt sind neben den für die erfindungsgemäßen Proteine kodierenden Sequenzbereichen solche 10 Nukleotidsequenzen, die für sog. „Tags“ codieren (bspw. His- oder Flag-Tag), so daß die in den Wirtszellen exprimierten erfindungsgemäßen Proteine bspw. über Affinitätschromatographie ohne weiteres gereinigt werden können. An erfindungsgemäße kodierende Nukleotidsequenzen können damit beliebige Sequenzen vorzugsweise am 5' oder 3'-Ende 15 angehängt werden, die für AS-Sequenzen codieren, die einen Tag (bspw. ein Antigen) zur Bindung an einen Antikörper bspw. auf einer Säule enthalten. Mitoffenbart sind damit auch die AS-Sequenzen, die sich aus der Kombination von kodierenden erfindungsgemäßen Nukleinsäuren mit anderen Nukleotidsequenzen ergeben.

20

Unter gentechnologisch ist im Sinne der Erfindung der Einsatz verschiedener Techniken zu verstehen, mit der DNA in eine Wirtszelle eingebracht wird bzw. DNA einer Zelle spezifisch verändert wird. Darunter fällt z.B. der Einsatz von Klonierungstechniken, Vektoren, 25 Restriktionsenzymen etc..

Entsprechend heißt gentechnologisch verändert, daß ein Eingriff die Basenfolge, die Sequenz, der Nukleinsäure verändert hat, insbesondere die Basensequenz verkürzt (bis hin zur Deletion) oder Mutationen 30 eingebaut wurden, meist mit der Folge, daß die Nukleinsäure (das Gen) nicht oder nur noch verändert in eine mRNA transkribiert werden kann.

Deletiert heißt in diesem Falle, daß eine Nukleinsäure, die hier meist ein Gen oder einen ORF umfaßt, ganz oder zumindest weitgehend aus der DNA entfernt wird, so daß die Nukleinsäure (das Gen) nicht oder nur noch verändert in eine mRNA transkribiert werden kann. Nicht exprimiert bedeutet entsprechend, daß die Nukleinsäure so verändert wurde, daß die Nukleinsäure (das Gen) nicht oder nur noch verändert in eine mRNA transkribiert werden kann und entsprechend nicht mehr durch Translation das Polypeptid bzw. Protein entsteht, für das die Nukleinsäure (das Gen oder der ORF) ursprünglich kodiert hat.

10

Unter mäßig stringenten Hybridisierungsbedingungen werden je nach der verwendeten Nukleinsäure-Sequenz (Oligonukleotid, längeres Fragment oder vollständige Sequenz) bzw. je nachdem, welche Nukleinsäureart (DNA oder RNA) für die Hybridisierung verwendet werden, variierende Standardbedingungen verstanden. So liegen beispielsweise die Schmelztemperaturen für DNA:DNA-Hybride ca. 10 °C niedriger als die von DNA:RNA-Hybriden gleicher Länge. Unter Standardbedingungen sind beispielsweise, je nach Nukleinsäure, Temperaturen zwischen 42 und 58 °C in einer wäßrigen Pufferlösung mit einer Konzentration zwischen 0,1 bis 5 x SSC (1 X SSC = 0,15 M NaCl, 15 mM Natriumcitrat, pH 7,2) oder zusätzlich in Gegenwart von 50% Formamid, wie beispielsweise 42 °C in 5 x SSC, 50% Formamid, zu verstehen. Vorteilhafterweise liegen die Hybridisierungsbedingungen für DNA:DNA-Hybride bei 0,1 x SSC und Temperaturen zwischen etwa 20 °C bis 45 °C, bevorzugt zwischen etwa 30 °C bis 45 °C. Für DNA:RNA-Hybride liegen die Hybridisierungsbedingungen vorteilhaft bei 0,1 x SSC und Temperaturen zwischen etwa 30 °C bis 55 °C, bevorzugt zwischen etwa 45 °C bis 55 °C. Diese angegebenen Temperaturen für die Hybridisierung sind beispielhaft kalkulierte Schmelztemperaturwerte für eine Nukleinsäure mit einer Länge von ca. 100 Nukleotiden und einem G + C-Gehalt von 50 % in Abwesenheit von Formamid. Die experimentellen Bedingungen für die

DNA-Hybridisierung sind in einschlägigen Lehrbüchern der Genetik, wie beispielsweise bei Sambrook et al. ("Molecular Cloning", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989), beschrieben und lassen sich nach dem Fachmann bekannten Formeln, beispielsweise abhängig von der Länge
5 der Nukleinsäuren, der Art der Hybride oder dem G + C-Gehalt berechnen. Weitere Informationen zur Hybridisierung kann der Fachmann folgenden Lehrbüchern entnehmen: Ausübel et al. (eds), 1985, Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York; Hames and Higgins (eds), 1985, Nucleic Acids Hybridization: A Practical Approach,
10 IRL Press at Oxford University Press, Oxford; Brown (ed), 1991, Essential Molecular Biology: A Practical Approach, IRL Press at Oxford University Press, Oxford.

Unter Kultivierung ist im Sinne dieser Erfindung die *in-vitro* Zucht von
15 kultivierbaren Zellen zu verstehen, wodurch diese in festem oder flüssigem Medium ernährt durch eine flüssige oder verfestigte Nährlösung, dem Kulturmedium, wachsen und sich vermehren.

Dabei versteht man unter Kulturüberstand das flüssige Kulturmedium, das
20 neben den Nährstoffen für die kultivierbaren Zellen auch die von diesen nach außen ins Medium abgegebenen Metaboliten und Substanzen (z.B. Avilamycin-Derivate) enthält. Dieser Kulturüberstand kann gewonnen und aufgearbeitet werden, wobei darunter insbesondere das Absaugen des Überstandes und/oder eine Filtration zu verstehen ist, mit der die aus der
25 Kultivierung und den Zellen übriggebliebenen Feststoffe abgetrennt werden.

Der Kulturüberstand, der im Rahmen dieser Erfindung meist erfindungsgemäße Avilamycin-Derivate enthält, kann nach der
30 Aufarbeitung aufgereinigt werden, wobei darunter beispielsweise eine chromatographische Trennung und/oder Trennung über Flüssigphasen

- bzw. eine Kombination dieser Vorgehensweisen zu verstehen ist. Beispiele dafür sind eine Festphasen-Extraktion mit einem Methanol-in-Wasser-Gradienten oder eine Ethyl-Acetat-Extraktion. Dabei wird die die Avilamycin-Derivate enthaltende Fraktion möglichst weitgehend von
5 anderen, andere Bestandteile des Kulturüberstands enthaltenden Fraktionen getrennt und damit die Avilamycin-Derivate weitgehend isoliert. Als alternative Trenn- und/oder Reinigungsverfahren kommen jedoch auch die Methode des Aussalzens oder Um- oder Auskristallisierens in Betracht. Gegebenenfalls kann sich dann eine Isolierung und Trennung
10 der einzelnen Derivate anschliessen, wobei hier insbesondere Chromatographiemethoden eingesetzt werden. Ganz besonders bevorzugt sind dabei präparative HPLC-Methoden oder auch affinitätschromatographische Verfahren.
- 15 Es ist bevorzugt, wenn beim Herstellungsverfahren, über das das erfindungsgemäße Avilamycin-Derivat definiert wird, die kultivierbare Zelle ausgewählt ist aus einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes* oder einer Zelle, die mit Ausnahme der gentechnologisch veränderten, deletierten oder nicht exprimierten Nukleinsäure/n die Nukleinsäuren
20 gemäß laufender Nr. 1-54 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1 bzw. dazu zu mindestens 95%, vorzugsweise 97 %, homologe Nukleinsäuren enthält oder aber mit einer dieser Sequenzen unter mäßig stringenten Bedingungen hybridisiert oder das Gencluster gemäß Abb. 109 enthält. Unter dem zweiten Punkt der Auswahl sind insbesondere Zellen zu
25 verstehen, in denen durch gentechnologische Methoden die für die Avilamycin-Derivat-Synthese notwendigen Enzyme exprimiert werden, wobei eine der für ein in den *Streptomyces viridochromogenes* Tü 57 endogen vorkommenden Enzym-kodierenden Nukleinsäuren gentechnologisch verändert oder deletiert ist bzw. nicht exprimiert wird,
30 insbesondere die Nukleinsäure/DNA gar nicht erst gentechnologisch in die Wirtszelle eingebracht wird. Besonders bevorzugt ist es aber, wenn die

Zelle ausgewählt ist aus einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes*, insbesondere einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes* Tü 57 bzw. A 23575.

5 In jedem Falle ist es bevorzugt, wenn bei dem Verfahren die veränderte/n (z.B. deletierte/n bzw. nicht in die Wirtszelle eingebrachte/n) Nukleinsäure/n für eine Methyltransferase und/oder für eine Halogenase kodierte/n.

10 Alternativ kann die Herstellung auch außerhalb eines in-vivo-Verfahrens als in-vitro-Synthese erfolgen. Hierbei werden die für die Synthese erforderlichen Enzyme und/oder Enzymsysteme in mindestens einem Versuchsansatz vorgegeben, wobei vorzugsweise in mehreren hintereinander geschalteten Versuchsansätzen die für die Synthese
15 erforderlichen Reaktionsschritte katalytisch von den erforderlichen und erfindungsgemäßen Enzymen durchgeführt werden. Ggf. können zwischen die in entsprechend geeigneter Reihenfolge durchgeführten Einzelreaktionen Trenn- und/oder Reinigungsschritte zur Aufreinigung der jeweils erwünschten Zwischenprodukte eingefügt werden.

20

Dabei versteht man unter Methyltransferasen Enzyme, die eine Methylgruppe auf ein organisches Molekül übertragen können. Insbesondere sind dies im Sinne der Erfindung Enzyme, die entweder auf die Orsellinsäure oder auf die Zucker, vorzugsweise nach Bildung des
25 Heptasaccharids, eine Methylgruppe übertragen, insbesondere die ORF's aviG2, aviG3, aviG5, aviG6, aviG1, aviG4, aviRa und aviRb, insbesondere aviG4.

Unter Halogenasen versteht man Enzyme, die enzymatisch Halogene auf organische Moleküle übertragen können. Insbesondere sind dies im Sinne
30 der Erfindung Enzyme, die auf die Orsellinsäure ein, vorzugsweise zwei

CI-Reste an den Positionen R4 und/oder R5 übertragen, insbesondere der ORF aviH.

Entsprechend ist es ein besonders bevorzugter Gegenstand der
5 Erfindung, wenn in Bezug auf das oben genannte Herstellungsverfahren die Sequenz/en der veränderte/n Nukleinsäure/n vor der Veränderung zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der/den Nukleinsäuresequenz/en mindestens einer der Sequenzen gemäß
laufender Nr. 1 oder 2-7 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1, vorzugsweise
10 einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1, 2, 4 oder 6 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) entspricht/en, insbesondere der Sequenz mit laufender Nr. 2 oder den Sequenzen mit den laufenden Nr. 2 und Nr. 1, Nr. 2 und Nr. 4 oder Nr. 2 und Nr. 6 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) entspricht oder aber mit einer dieser Sequenzen unter mäßig stringenten Bedingungen hybridisiert.

15

Dabei bedeutet „vor der Veränderung“ im Sinne dieser Erfindung, daß die veränderte Nukleinsäure vor der gentechnologischen Manipulation an ihr, d.h. vor der Deletion oder der Veränderung, insbesondere Verkürzung oder Mutation in der Basensequenz, aber auch vor dem Schritt, diese
20 Nukleinsäure/DNA gar nicht erst gentechnologisch in die Wirtszelle einzubringen, die genannte Nukleinsäuresequenz aufweist.

Weiter ist es bevorzugt, wenn in dem die Avilamycin-Derivate definierenden Herstellungsverfahren die Veränderung der Nukleinsäure/n
25 dazu führt, daß das oder die durch die gentechnologisch veränderte/n Nukleinsäure/n kodierte/n Protein/e oder Polypeptid/e nach der gentechnologischen Veränderung nicht mehr synthetisiert wird/werden.

Dabei versteht man unter Polypeptid ein Peptid mit zwischen $10 \leq$ und < 100 Aminosäureresten und unter einem Protein ein Makromolekül mit
30 mehr als 100 über Peptidbindungen verknüpften Aminosäureresten. Dabei

sind die Proteine im Zusammenhang mit dieser Erfindung vorzugsweise Enzyme. Es fallen aber natürlich auch andere Proteine im Sinne dieser Erfindung unter diesen Begriff.

- 5 Die bisher beschriebenen erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate haben überwiegend bzw. alle gegenüber im Stand der Technik beschriebenen verwandten Orthosomycine, insbesondere gegenüber Avilamycin A, den Vorteil, hydrophiler zu sein, was therapeutisch erhebliche Vorteile bietet. Das gilt insbesondere für einen Vergleich mit dem Avilamycin A oder C
10 bzw. auch mit dem Evernimycin Ziracin.

- Eine Aufgabe der Erfindung war es auch - neben der Bereitstellung neuer Antibiotika – die Biosynthese des Avilamycins A aufzuklären, um darauf basierend neue antimikrobielle Substanzen bzw. neue Verfahren zu deren
15 Herstellung zu entwickeln. Ein Kernpunkt war dabei die molekulare Klonierung und die Charakterisierung der an der Avilamycin-Biosynthese beteiligten Gene. Es wurde ein ca. 60 kB großes Stück um die bekannten Gene *aviD*, *aviE1* und *aviM* sequenziert. Dabei stellte sich heraus, daß die beteiligten Gene in unmittelbarer Nähe voneinander in einem Cluster
20 angeordnet waren. Die Sequenz der einzelnen ORF's sowie deren Anordnung auf dem zentralen Gencluster (laufenden Nr. 1bis 54) sind in Abb. 1 in Verbindung mit Tabelle 1, respektive Abb. 109, dargestellt. Wie bereits ausgeführt waren die Sequenz eines NDP-Glucose-Synthase-Gens (*aviD* [laufende Nr. 53 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1]), eines NDP-
25 Glucose-4,6-Dehydratase-Gens (*aviE1* [laufende Nr. 54 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1]) und eines Polyketid-Synthase-Gens (*aviM* [laufende Nr. 52 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1]) ebenso bekannt wie deren vermutliche Funktion als Teil einer iterativen Typ I Polyketid-Synthase zur Bildung von Orsellinsäure, einem Zwischenprodukt in der Biosynthese von
30 Dichloroisoeverninsäure [Gaisser, S., Trefzer, A., Stockert, S., Kirschning, A., & Bechthold, A. (1997), J Bacteriol. 179, 6271-6278].

Die durch die umfangreiche Klonierung entdeckten Sequenzen der an der Synthese der Avilamycine beteiligten übrigen ORF's sind ebenfalls der Abb. 1 zu entnehmen wie auch die relative Anordnung auf dem Gencluster der Abb. 109. Hierbei erlaubt die Angabe der laufenden Nr. aus Tabelle 1
5 die Zuordnung zur namentlichen Bezeichnung der ORFs. Unter der namentlichen Bezeichnung sind die Sequenzen Abb. 1 zu entnehmen und zwar auf die in der Beschreibung von Abb. 1 dargestellte Weise. Die genaue Klonierungsstrategie sowie weitere Einzelheiten der
10 Sequenzierung sind in den Beispielen dargestellt ebenso wie die funktionelle Analyse und Charakterisierung der gefundenen Gene (ORF's). Die Zuordnung der ORF-Kürzel zu Funktion und Sequenz (incl. abgeleiteter Proteinsequenz) kann der der Abbildungsbeschreibung folgenden Tabelle 1 entnommen werden.

15

Ein weiterer wichtiger Gegenstand der Erfindung ist daher eine (oder mehrere) Nukleinsäure(n), die in ihrer Sequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen der laufenden Nummer 1 bis 51 gemäß
20 Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1 entspricht/entsprechen oder aber mit einer dieser Sequenzen unter mäßig stringenten Bedingungen hybridisiert. Insbesondere werden auch Sequenzen mit den laufenden Nr. 48 und 49 (gemäß Tabelle 1 und Sequenzdarstellung in Abb. 1) mit Funktion als rRNA-Methyltransferasen (aviRa und aviRb) und auch die Sequenzen mit
25 den laufenden Nr. 50 und 51 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) mit Funktion als ABC-Transporter-Gene (aviABC1 und aviABC2), die Resistenzen gegen Avilamycine vermitteln, bzw. Sequenzen, die zu mindestens 95% diesen Sequenzen mit den vorgenannten laufenden Nr. entsprechen oder aber mit einer dieser Sequenzen unter mäßig stringenten Bedingungen
30 hybridisieren, in der vorliegenden Erfindung beschrieben. Im übrigen auch Mischungen von Nukleinsäuren, die beliebige Unterkombinationen der

gemäß Abb. 1 dargestellten Nukleinsäuren mit den laufenden Nr. 1 bis 51 aus Tabelle 1 darstellen, bspw. Mischungen aus zwei, drei, vier, ..., 50 Nukleinsäuren in beliebiger Kombination sind erfindungsgemäß mitoffenbart, ggf. auch als Kombination auf einem Nukleinsäurestrang
5 oder auf verschiedenen Strängen.

Dabei ist/sind insbesondere (eine) Nukleinsäure/n bevorzugt, die zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit der laufenden Nr. 1
10 bis 32 gemäß Tabelle 1 (i.V.m. Abb. 1), vorzugsweise 1 bis 7, insbesondere 1, 2, 4 oder 6, oder aber einer der Sequenzen mit der laufenden Nummer 48 bis 51 oder 43, 44 oder 46 gemäß Tabelle 1 (i.V.m. Abb. 1) entspricht/entsprechen oder die aber mit einer dieser Sequenzen unter mäßig stringenten Bedingungen hybridisiert/en.

15 Ein weiterer Gegenstand der Erfindung sind entsprechend auch Gencluster, die „Open reading frames“, vorzugsweise 54, enthalten, die in ihrer Nukleinsäuresequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, den Nukleinsäuresequenzen gemäß den Sequenzen mit den laufenden Nummern 1 bis 54 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1)
20 entsprechen oder aber mit einer dieser Sequenzen unter mäßig stringenten Bedingungen hybridisiert und die auf einem Nukleinsäurestrang oder in beliebiger Kombination auf dem einem oder dem anderen Strang angeordnet sind, vorzugsweise gemäß Abb. 109.

25 Die Gene in einem erfindungsgemäßen Gencluster können 2, drei, vier, ... , 54 erfindungsgemäße Gene, ggf. in Kombination mit den bereits bekannten genen, in beliebiger Strangverteilung und Unterkombination enthalten, insbesondere können die zwischen den ORFs liegenden Abschnitte beliebiger Nukleotidsequenz sein.

Damit ist insbesondere ein Gencluster gemäß Abb. 109 gemeint, aber auch Gencluster, die entsprechende Nukleinsäuren, evt. auch in anderer Anordnung enthalten, wobei bevorzugt – aber nicht notwendig – ist, daß alle ORF's gemäß den laufenden Nummern 1-54 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) im Gencluster zu finden sind.

Unter dem Begriff Gencluster versteht man im Sinne dieser Erfindung ein Abschnitt einer DNA, auf dem sich in enger räumlicher Nachbarschaft mehrere Gene befinden. Derartige erfindungsgemäße Gencluster können in einem Vektor vorliegen, bspw. einem BAC oder YAC, einem Cosmid oder Plasmid. Vektoren, die mindestens eine erfindungsgemäße Sequenz enthalten, sind damit gleichfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung. Erfindungsgemäße Gene können in erfindungsgemäßen Vektoren mit weiteren Signalsequenzen oder weiteren Genen, insbesondere weiteren Antibiotika-Resistenz-Genen, kombiniert werden.

Aus den neu entdeckten Sequenzen der ORF's bzw. Gene ließen sich Protein- und Polypeptidsequenzen ableiten. Entsprechend ist ein weiterer Gegenstand der Erfindung ein Protein oder Polypeptid, das in seiner Aminosäuresequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Aminosäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit den laufenden Nr. 55 – 101 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) entspricht.

Dabei ist es bevorzugt, wenn das erfindungsgemäße Protein oder Polypeptid zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit den laufenden Nr. 55 bis 86 oder 97, 98 oder 100 oder 102 bis 105 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), vorzugsweise 55 bis 61, insbesondere 55, 56, 58 oder 60, entspricht.

Ein weiterer Gegenstand ist entsprechend auch ein Protein oder Polypeptid, das durch eine Nukleinsäure gemäß einem der Ansprüche 12 oder 13 kodiert wird. Dabei versteht man unter „kodieren“ im Sinne dieser Erfindung, daß die Codons (s.o.) des entsprechenden
5 Nukleinsäureabschnitts (Gen oder ORF) für die entsprechende Aminosäuresequenz kodieren, also nach Transkription und Translation ein entsprechendes Protein oder Polypeptid mit dieser Aminosäuresequenz entsteht.

10 Insbesondere sind die erfindungsgemäßen Proteine Enzyme, bzw. Teil eines Multienzymkomplexes. Sie können aber natürlich auch andere Funktionen haben.

Da zum einen die erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate über ein
15 gentechnologisches bzw. biotechnologisches Verfahren definiert sind oder dadurch hergestellt werden, auf der anderen Seite die neu entdeckten Gene bzw. Proteine (Enzyme) in gen- bzw. biotechnologischen Verfahren zur Herstellung entsprechender Antibiotika eingesetzt werden können, haben im Rahmen dieser Erfindung nahezu zwangsläufig
20 gentechnologisch veränderte Zellen eine wichtige Funktion.

Ein weiterer Gegenstand dieser Erfindung sind daher gentechnologisch veränderte Zellen enthaltend mindestens eine nicht-endogene erfindungsgemäße Nukleinsäure, einen nicht-endogenen
25 erfindungsgemäßen Gencluster und/oder ein nicht-endogenes erfindungsgemäßes Protein oder Polypeptid.

Ebenso ist eine Zelle ein weiterer Gegenstand der Erfindung, die mindestens eine gentechnologisch veränderte Nukleinsäure, deren
30 Sequenz vor der Veränderung zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der

Sequenzen mit der laufenden Nr. 1 bis 54 (Tabelle 1 i.V.m. Abb.1) entsprach oder aber die mit einer dieser Sequenzen unter mäßig stringenten Bedingungen hybridisierte, enthält.

- 5 Ein besonders bevorzugter Gegenstand der Erfindung ist eine Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes*, vorzugsweise vom Subtyp Tü57, bei dem mindestens eine der Nukleinsäuren mit einer Sequenz mit einer der laufenden Nr. 1-54 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) gentechnologisch verändert oder deletiert wurde. Dabei ist es besonders bevorzugt, wenn in
10 der entsprechenden Zelle mindestens eine der Nukleinsäuren mit einer Sequenz mit laufender Nr. 1 oder 2-7 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), vorzugsweise mit einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1, 2, 4 oder 6 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), insbesondere mit einer Sequenz mit laufender Nr. 2 oder mit Sequenzen mit den laufenden Nr. 2 und Nr. 1, Nr. 2 und Nr.
15 4 oder Nr. 2 und Nr. 6 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) gentechnologisch verändert oder deletiert wurde.

- Ebenfalls besonders bevorzugt ist es, wenn die Zelle vom Mutanten-Typ *Streptomyces viridochromogenes* GW4, *Streptomyces viridochromogenes*,
20 GW4-AM1, *Streptomyces viridochromogenes* GW2 oder *Streptomyces viridochromogenes* GW5 ist, wobei vom Mutanten-Typ *Streptomyces viridochromogenes* GW4 Avilamycin-Derivate synthetisiert werden, in denen R3 = OH ist, vom Mutanten-Typ *Streptomyces viridochromogenes* GW4-AM1 Avilamycin-Derivate synthetisiert werden, in denen R3 = OH,
25 R4 = H und R5 = H sind, vom Mutanten-Typ *Streptomyces viridochromogenes* GW2 Avilamycin-Derivate synthetisiert werden, in denen R3 = OH und R6 = H sind und vom Mutanten-Typ *Streptomyces viridochromogenes* GW5 Avilamycin-Derivate synthetisiert werden, in denen R3 = OH und R9 = H sind.

Gemäß obigen Ausführungen ist entsprechend ein weiterer Gegenstand der Erfindung die Verwendung einer erfindungsgemäßen Nukleinsäure, eines erfindungsgemäßen Genclusters, eines erfindungsgemäßen Proteins oder Polypeptids und/oder einer der erfindungsgemäßen Zellen zur Herstellung eines Avilamycin-Derivats, vorzugsweise eines erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivats.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung ist ein Verfahren zur Herstellung erfindungsgemäßer Avilamycin-Derivate mit folgenden Schritten:

10

(1) in einer kultivierbaren Zelle, die die nötigen Gene bzw. Enzyme zur Synthese des Orthosomycin-Grundkörpers bestehend aus

15

- (a) einem endständigen Dichloroisoeberninsäure-Rest (A in Formel I) und
- (b) einem damit veresterten, über normale Esterbindung und Orthoesterbindungen verknüpften Heptasaccharid (B bis H in Formel I) aus:

20

- (i) zwei D-Olucose-Resten (B und C)
- (ii) einem 2-Desoxy-D-Valose-Rest (D),
- (iii) einem D-Fucose-Rest (E),
- (iv) einem D-Mannose-Rest (F),
- (v) einem L-Lyxose-Rest (G) und
- (vi) einem (Methyl-)Eurekanat Rest (H)

25

30

aufweist, wird mindestens eine Nukleinsäure, deren Sequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz mit einer der laufenden Nr. 1 bis 54 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1 entspricht oder aber eine Nukleinsäure, die mit einer dieser Sequenzen unter mäßig

stringenten Bedingungen hybridisiert, gentechnologisch verändert, deletiert oder nicht exprimiert,

- (2) die so gentechnologisch veränderte Zelle wird kultiviert,
- 5 (3) der Kulturüberstand wird gewonnen,
- (4) der Kulturüberstand wird aufgearbeitet und dabei das oder die entstandene/n Avilamycin-Derivat/e aufgereinigt und isoliert,
- (5) gegebenenfalls werden unterschiedliche Derivate getrennt.

- 10 Es ist bevorzugt, wenn bei diesem Verfahren die kultivierbare Zelle ausgewählt ist aus einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes* oder einer Zelle, die mit Ausnahme der gentechnologisch veränderten, deletierten oder nicht exprimierten Nukleinsäure die Nukleinsäuren gemäß laufenden Nr. 1-54 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1 bzw. dazu zu
- 15 mindestens 95%, vorzugsweise 97 %, homologe Nukleinsäuren oder aber mit diesen Sequenzen hybridisierende Sequenzen enthält oder den erfindungsgemäßen Gencluster enthält. Letzteres wird in der Fachliteratur als heterologe Expression bezeichnet. Dabei ist es besonders bevorzugt, wenn die Zelle ausgewählt ist aus einer Zelle vom Typ *Streptomyces*
- 20 *viridochromogenes*, *Streptomyces lividans*, *Streptomyces albus* oder *Streptomyces fradiae*, insbesondere einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes* Tü 57 oder A 23575.

- Auch eine alternative Verfahrensführung kommt erfindungsgemäß in
- 25 Betracht. Hierbei wird nach Durchführung der Verfahrensschritte (1) und (2) jedoch das Avilamycin-Derivat nicht aus dem Kulturüberstand gewonnen, sondern dieses akkumuliert sich vielmehr in den Wirtszellen. Gemäß dem alternativen Verfahren werden daher in Verfahrensschritt (3) die Wirtszellen geerntet, nachfolgend aufgeschlossen und die Avilamycin-
- 30 Derivate von den übrigen Zellbestandteilen getrennt und schließlich

aufgereinigt. Zur Trennung und Aufreinigung können die vorgenannten und alle dem Fachmann geläufigen Verfahren zum Einsatz kommen.

Weiter bevorzugt ist es, wenn bei dem erfindungsgemäßen Verfahren die
5 veränderte/n Nukleinsäure/n für eine Methyltransferase und/oder für eine
Halogenase kodiert/en. Dabei ist es besonders bevorzugt, wenn die
Sequenz/en der veränderte/n Nukleinsäure/n vor der Veränderung zu
mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der/den
Nukleinsäuresequenz/en mindestens einer der Sequenzen mit den
10 laufenden Nr. 1 oder 2-7 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1, vorzugsweise
einer Sequenzen mit den laufender Nr. 1, 2, 4 oder 6 (Tabelle 1 i.V.m.
Abb. 1), entspricht/en, insbesondere der Sequenz mit laufender Nr. 2 oder
den Sequenzen mit den laufenden Nr. 2 und Nr. 1, Nr. 2 und Nr. 4 oder
Nr. 2 und Nr. 6 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1).

15

Weiter bevorzugt ist es, wenn bei dem erfindungsgemäßen Verfahren die
Veränderung der Nukleinsäure/n, insbesondere von erfindungsgemäßen
Methyltransferasen und/oder Halogenasen, dazu führt, daß das oder die
durch die gentechnologisch veränderte/n Nukleinsäure/n kodierte/n
20 Protein/e oder Polypeptid/e nach der gentechnologischen Veränderung
nicht mehr synthetisiert wird/werden.

Die erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate sind prinzipiell toxikologisch
unbedenklich, so daß sie sich als pharmazeutischer Wirkstoff in
25 Arzneimitteln eignen. Ein weiterer Gegenstand der Erfindung sind daher
Arzneimittel enthaltend mindestens ein erfindungsgemäßes Avilamycin-
Derivat, vorzugsweise mindestens zwei, insbesondere auch Mischungen
von einem oder mehreren Avilamycin-Derivaten mit mindestens einem
weiteren Antibiotikum aus dem Stand der Technik, bspw. Vancomycin,
30 Penicillin, Streptomycin, Neomycin, Kanamycin, Sisomycin, Amikacin
und/oder Tobramycin, sowie gegebenenfalls geeignete Zusatz- und/oder

Hilfsstoffe. Auch andere bakteriostatische oder bakterizide Substanzen können mit erfindungsgemäßen Substanzen kombiniert werden, bspw. Cephalosporine, Chloramphenicol, Ethambutol, Cephalosporine, Isonicotinamide, Tetracycline, Sulfonamide, Oxalactame (bspw. Flomoxef, 5 Clavulansäure) und/oder Nitrofurane.

Darunter versteht man insbesondere auch Trägermaterialien, Füllstoffe, Lösungsmittel, Verdünnungsmittel, Farbstoffe und/oder Bindemittel. Die Arzneimittel können als flüssige Arzneiformen in Form von 10 Injektionslösungen, Tropfen oder Säften, als halbfeste Arzneiformen in Form von Granulaten, Tabletten, Pellets, Patches, Kapseln, Pflaster oder Aerosolen verabreicht werden. Die Auswahl der Hilfsstoffe etc. sowie die einzusetzenden Mengen derselben hängen davon ab, ob das Arzneimittel oral, peroral, parenteral, intravenös, intraperitoneal, intradermal, 15 intramuskulär, intranasal, buccal, rektal oder örtlich, zum Beispiel auf die Haut, die Schleimhäute oder in die Augen, appliziert werden soll. Für die orale Applikation eignen sich Zubereitungen in Form von Tabletten, Dragees, Kapseln, Granulaten, Tropfen, Säften und Sirupen, für die parenterale, topische und inhalative Applikation Lösungen, Suspensionen, 20 leicht rekonstituierbare Trockenzubereitungen sowie Sprays.

Oral oder perkutan anwendbare Zubereitungsformen können die erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate verzögert freisetzen und so einen gleichmäßigeren Plasmaspiegel erreichen. Prinzipiell können den 25 erfindungsgemäßen Arzneimitteln andere dem Fachmann bekannte weitere Wirkstoffe zugesetzt werden.

Die an den Patienten zu verabreichende Wirkstoffmenge variiert in Abhängigkeit vom Gewicht des Patienten, von der Applikationsart, der

Indikation und dem Schweregrad der Erkrankung. Üblicherweise werden 0,005 bis 1000 mg/kg, bevorzugt 0,05 bis 5 mg/kg wenigstens eines erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivats appliziert.

- 5 Da für die erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate eine antibiotische Wirkung nachgewiesen ist, eignen sie sich natürlich prinzipiell zur Behandlung von Erkrankungen, insbesondere zur Behandlung von Infektionskrankheiten, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung derartiger Erkrankungen. Ein weiterer Gegenstand der
- 10 Erfindung ist entsprechend die Verwendung eines erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivats zur Herstellung eines Arzneimittels mit antibiotischer Wirkung zur Behandlung von bspw. Infektionskrankheiten. Unter Infektionserkrankungen werden Erkrankungen verstanden, denen eine Infektion mit einem viralen, einem bakteriellen oder einem
- 15 protozoologischen Erreger zugrundeliegt. Damit sind die vorliegenden erfindungsgemäßen Antibiotika auch zur Behandlung von Mykosen, insbesondere kutanen und subkutanen Mykosen, geeignet.

- Bevorzugt werden die erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate jedoch zur
- 20 Bekämpfung bakterieller Infektionen eingesetzt. Insbesondere sind Infektionen mit den folgenden Erregern zu nennen: Leprabakterien, Mykobakterien, Neisserien, Tuberkulosebakterien, Aktinomyceten, Corynebakterien, Listerien, Clostridien, Bazillen, Enterokokken, Streptokokken, Staphylokokken, insbesondere auch zur Behandlung von
- 25 Infektionen mit *Staphylococcus aureus* Stämmen, Rickettsien, Chlamydien, Mykoplasmen, Borrelien, Spirochäten, Brucellen, Bortedellen, Pseudomonaden, Helicobacter, Hämophilus, Vibrionen, Shigellen, Yersinia, Salmonellen und weitere unter die Familie der Enterobacteriaceae fallende Vertreter. Entsprechend werden die
- 30 erfindungsgemäßen Substanzen zur Behandlung aller klinischen Krankheitsbilder, die durch bspw. die vorgenannten Bakterienstämme

verursacht werden, verwendet. Beispielhaft seien die folgenden Krankheitsbilder genannt: Tuberkulose; Pneumonien; Typhus; Paratyphus; Lues; Gastritis; Gastroenteritis; Ruhr; Pest; Enteritis; extraintestinale Infekte, Peritonitis und Appendizitis mit *E. coli* sowie intestinale Infekte mit
5 EHEC, EPEC, ETEC oder EIEC; Cholera, Legionärskrankheit, Keuchhusten, Brucellosen, Lyme-Borreliose, Leptospirose, Fleckfieber, Trachom, Gonorrhoeen, Meningitis, Septikämie, Lepra etc.

Ein weiterer Gegenstand des Verfahrens ist auch die Behandlung eines
10 Menschen oder Tieres, der oder das diese Behandlung benötigt, mit einem erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivat, vorzugsweise bei Infektionskrankheiten, insbesondere unter Beteiligung von *Staphylococcus aureus*.

15 Im folgenden Abschnitt wird die Erfindung weiter durch Beispiele erläutert, ohne sie darauf zu beschränken.

Beispiele und Abbildungen:

20

Abbildungen:

Abbildung 1 zeigt die Sequenz des gesamten Genclusters mit seinen 54 Nukleinsäuresequenzen der ORF's aus *Streptomyces viridochromogenes* Tü 57. In Abbildung 1 sind die Kurzbezeichnungen der entsprechenden
25 Nukleinsäuresequenzen enthalten, wobei diese Kurzbezeichnungen (ohne das Präfix „Avi“) jeweils an den Zeilen eingefügt sind, die die Startcodons der 54 Sequenzen aufweisen. Die AS, die durch das jeweilige Startcodon codiert wird, ist eingekreist. Der an diesen Stellen jeweils eingezeichnete Pfeil gibt die Leserichtung (rückwärts oder vorwärts) der Gene mit dem
30 Startcodon als Ausgangspunkt wieder.

Abb. 1 enthält die Nukleotidsequenzen der beiden komplementären DNA-Stränge ebenso wie die (tw. fiktiven) AS-Sequenzen für beide Stränge in allen drei Leserastern, insgesamt also 2 Nukleotidsequenzen und die sich
5 hieraus potentiell ergebenden 6 Proteinsequenzen (Ein-Buchstaben-Code). Die drei Proteinsequenzen des oberen Nukleotidstrangs sind oberhalb der dazugehörigen Nukleotidsequenz, die drei Proteinsequenzen des unteren komplementären Nukleotidsequenz unterhalb des dazugehörigen unteren Nukleotidstrangs eingezeichnet. Die 54 namentlich
10 in Abb. 1 eingezeichneten Proteinsequenzen im Gencluster ergeben sich aus Abb. 1 dadurch, daß eine eingekreiste AS als Ausgangspunkt gewählt wird und dann in diesem Leseraster, d.h. in der entsprechenden Zeile (bspw. 2. Zeile unterhalb der unteren Nukleotidsequenz), die AS-Sequenz in der durch die Pfeile angegebenen Richtung, also im folgenden
15 entweder vorwärts oder rückwärts, abgelesen wird. Die Sequenz endet mit dem Stop-Codon im entsprechenden Leseraster, wobei Stop-Codons durch ein „Stern“-Symbol in der entsprechenden Zeile markiert sind.

Die zur AS eines ORFs gehörige Nukleotidsequenz ergibt sich durch das
20 entsprechende oberhalb oder unterhalb (für den oberen Strang) befindliche Triplet. Die Ein-Buchstaben-Bezeichnung der Aminosäure ist dabei jeweils so angeordnet, daß sie oberhalb oder unterhalb des mittleren Nukleotids des für diese AS kodierenden Codons liegt.

25 In der nachfolgenden Tabelle sind die namentlichen Bezeichnungen der 54 kodierenden Bereichen im Gencluster jeweils laufenden Nummern zugeordnet, wobei die laufenden Nummern 1 bis 54 die Nukleotidsequenzen angeben und die laufenden Nummern 55 bis 108 den jeweils dazu gehörigen AS-Sequenzen entsprechen, und zwar codiert die
30 Nukleotidsequenz mit der laufenden Nummer 1 für die AS mit der

laufenden Nummer 55, die Nukleotidsequenz mit der laufenden Nummer 2 für die AS mit der laufenden Nummer 56 etc..

5 Abbildung 109 zeigt die relative Anordnung der gefundenen ORF's auf dem Gencluster.

Abbildung 110 zeigt einen Southern-Blot mit der Mutante S. *viridochromogenes* GW4.

10 Abbildung 111 zeigt das Massenspektrum der Produkte von Mutante S. *viridochromogenes* GW4

Abbildung 112 zeigt das Massenspektrum der hydrolysierten Produkte von Mutante S. *viridochromogenes* GW4.

15

Die Zuordnung der ORF-Kürzel zu ihrer Funktion und Sequenz (incl. abgeleiteter Proteinsequenz) kann der folgenden Tabelle 1 entnommen werden.

20

Tabelle1:

Gen (ORF)/ Protein bzw. Polypeptid	Funktion	Laufende Nr.: Gen (ORF) / Protein bzw. Polypeptid in Abb. 1
AviX1	Regulation	8/62
AviX2		33/87
AviX3		34/88
AviX4		35/89
AviX5		36/90
AviRb	Resistenz/ Methylierung der rRNA	48/102
AviX6		37/91
AviX7		38/92
AviX8		39/93
AviRa	Resistenz/Methylierung der rRNA	49/103
AviQ1	Zucker-Biosynthese	9/63
AviGT2	Biosynthese der Heptasaccharid-Kette	10/64
AviX9		40/94
AviC1	Regulation	11/65
AviC2	Regulation	12/66
AviX10		41/95
AviX11		42/96
AviG1	Zucker-Biosynthese (2-Desoxy-D-Evalose)/ Modifikation (Methylierung)	3/57
AviJ	Antibiotika Transport	13/67
AviN	Biosynthese der Orsellinsäure	14/68
AviM	Biosynthese der Orsellinsäure	52/106
AviD	Zucker-Biosynthese (D-Olivose, 2-Desoxy- D-Evalose)	53/107
AviE1	Zucker-Biosynthese (D-Olivose, 2-Desoxy- D-Evalose)	54/108
AviQ2	Zucker-Biosynthese	15/69
AviG5	Modifikation (Methylierung)	6/60
AviO1	Modifikation	43/97
AviGT1	Biosynthese der Heptasaccharid-Kette	16/70
AviE2	Zucker-Biosynthese	17/71
AviG2	Modifikation (Methylierung)	4/58
AviZ1	Zucker-Biosynthese	18/72
AviG6	Modifikation (Methylierung)	7/61
AviO3	Modifikation	44/98
AviG3	Modifikation (Methylierung)	5/59
AviX12		45/99
AviABC1	Antibiotika Transport	50/104
AviABC2	Antibiotika Transport	51/105

AviB1	Modifikation	19/73
AviB2	Modifikation	20/74
AviGT3	Biosynthese der Heptasaccharid-Kette	21/75
AviGT4	Biosynthese der Heptasaccharid-Kette	22/76
AviO2	Modifikation	46/100
AviP1	Zucker-Biosynthese (L-Lyxose)	23/77
AviQ3	Zucker-Biosynthese	24/78
AviH	Modifikation (Halogenierung)	1/55
AviX13		47/101
AviG4	Modifikation (Methylierung)	2/56
AviE3	Zucker-Biosynthese (4-O-methyl-L-fucose)	25/79
AviS	Zucker-Biosynthese (D-Olivose, 2-Desoxy-D-Evalose)	26/80
AviT	Zucker-Biosynthese (D-Olivose, 2-Desoxy-D-Evalose)	27/81
AviZ3	Zucker-Biosynthese (D-Olivose, 2-Desoxy-D-Evalose)	28/82
AviZ2	Zucker-Biosynthese	29/83
AviX14	Regulation	30/84
AviX15	Regulation	31/85
AviX16	Regulation	32/86

Beispiele

5 Beispiel 1

Allgemeine Methoden und Materialien:

a)

Bakterienstämme, Plasmide und Kulturbedingungen.

10

Streptomyces viridochromogenes Tü57 wurde mit 1 % Malzextrakt, 0.4 % Hefeextrakt, 0.4 % Glucose und 1 mM CaCl₂, bei einem pH von 7.2 (HA medium) bei 37°C kultiviert. Zur Herstellung von Avilamycin A wurden *Streptomyces viridochromogenes* Tü57 und alle Mutanten in NL19+-Medium, das 2% D-Mannitol, 2% Sojamehl und 20 mM L-Valin enthielt und auf pH 7.5 eingestellt war, kultiviert. Für die DNA-Manipulation wurde

15

Escherichia coli XL-1 Blue MRF' (Stratagene) als Wirtszelle benutzt. Vor der Transformation von *S. viridochromogenes* Tü57 wurden die Plasmide in *E. coli* ET 12567 (*dam*⁻, *dcm*⁻, *hsdS*, Cm^R) angezogen, um unmethylierte DNA zu erhalten. *E. coli* Stämme wurden auf Luria-Bertani (LB) Agar oder flüssigem Medium, das das geeignete Antibiotikum enthielt, kultiviert.

b)

Allgemeine gentechnologische Manipulationen, PCR und DNA Sequenzierung / Sequenz-Analyse

Es wurden Standard-Methoden der Molekularbiologie - wie dem Fachmann bekannt - durchgeführt. Die Isolierung von *E.coli* Plasmid DNA, DNA Restriktion, DNA Modifizierung wie das „filling-in sticky ends“ und die „Southern“-Hybridisierung wurden gemäß den Protokollen der Hersteller der Kits, Enzyme und Reagentien durchgeführt (Amersham-Pharmacia, Boehringer Mannheim, Promega, Stratagene). *Streptomyces* Protoplastenbildung, -transformation, und -regenerierung wurden wie üblich durchgeführt. Die PCR wurde mit einem Perkin Elmer GeneAmp 2400 thermal cycler durchgeführt, wobei die Bedingungen so wie beschrieben und üblich waren. Die verwendeten Oligonukleotid-Primer waren:

AviG4F (5'-GGACGCCTATCTGTGCCACCCCTTCCTGGT-3'),
AviG4R (5'-TGAGCGCTCGCCTAGACAGAATCATCTCCC3'),
S2A (5'-GCGTCCATCTTGCCGGGA-3') und
S2B (5'-CGTGGATCCCGCCGGCCCC-3').

Die Nukleotidsequenzierung wurde mit der Dideoxy-

Kettenabbruchsmethode unter Verwendung eines automatischen Laser-Fluoreszenz-Sequencers (Perkin Elmer ABI) durchgeführt. Die Sequenzierungs-Reaktionen wurden mit einem Thermosequenase-Cycle-Sequencing Kit mit 7-deaza-dGTP (Amersham) und Standard-Primern (M
5 13 universal and reverse, T3, T7) durchgeführt. Mit dem DNASIS-Software-Paket (version 2.1, 1995; Hitachi Software Engineering) wurde eine computerunterstützte Sequenz-Analyse und die Datenbank-Recherche mit dem BLAST 2.0 program auf dem Server des National Center for Biotechnology Information, Bethesda MD, USA, durchgeführt.
10 Die vorgelegten Sequenzen sind in der „GenBank“-Datenbank unter der Zugangsnummer („Accession Number“) AF333038 abgelegt.

c)

Konstruktion eines Gen-inaktivierenden Plasmids

15

aviG4: Eine einmal vorkommende *NcoI*-Restriktionsschnittstelle im Gen *aviG4* (laufende Nr. 2, Abb. 1), die auf dem 1.9 Fragment liegt, das in die *SacI* und *EcoRI* Schnittstellen von pBSK- ligiert ist, wurde für die gezielte Inaktivierung durch ein Verschieben des Leserahmens ausgewählt. Das
20 1.9 kb Fragment wurde mit *SacI* und *KpnI* verdaut und wurde in das Gen-Inaktivierungsplasmid pSP 1 hineinligiert. Nach dem Restriktionsverdau mit *NcoI*, Behandlung mit dem Klenow -Fragment der *E. coli* DNA-Polymerase I und erneuter Ligation wurde die beabsichtigte Veränderung durch DNA-Sequenzierung bestätigt. Das gebildete Plasmid wurde als
25 pMIKG4E3 bezeichnet.

aviH: Die einmal vorkommende *NarI* Schnittstelle im *aviH*-Gen, das auf dem 3.7 kb *SacI*-Fragment ligiert in pBSK- vorliegt, wurde durch *NarI*-Restriktionsverdau und anschließender Behandlung wie für *aviG4*
30 beschrieben, verändert. Die Sequenzierung verschiedener Plasmide

zeigte die korrekte Veränderung. Das 3.7 kb-Fragment wurde in pSP1 kloniert, um das Gen-Inaktivierungs-Plasmid pSP 1S2Nar zu bilden.

d)

5 Analyse neuer Avilamycin-Derivate

DC- Analyse

Streptomyces viridochromogenes Tü57 und die Mutanten GW-4 und GW4-AM1 wurden drei Tage lang inkubiert. Die Kulturen wurden abfiltriert und das Filtrat auf eine Festphasen Extraktions-Patrone aufgetragen (SepPakC₁₈, Waters). Die Patrone wurde mit einem Gradienten zwischen 10 % und 100% Methanol in Wasser eluiert. Avilamycin-Derivate eluieren mit der Fraktion, die 60-70 % Methanol enthält. Nach einer Extraktion mit Ethyl-Acetat und Abziehen des Lösungsmittels wurden die Avilamycin-Derivate wieder in Methanol gelöst und mittels DC auf Silicagel-Platten (silica gel 60 F254, Merck) mit Methylenchlorid/Methanol (9:1, v/v) als Lösungsmittel gemessen. Avilamycin-Derivate waren nach Behandlung mit Anisaldehyd/H₂SO₄ detektiert worden.

20 e)

HPLC-UV-Analyse

Eine analytische HPLC-UV wurde auf einem Hewlett Packard 1090 Liquid Chromatograph mit einem Photodioden-Array-Detektor und einer HP-ODS-Hypersil 5Mm, 200 x 2 mm Säule durchgeführt. Die Abfolge der Lösungen war wie folgt: Lösung A, 0.04M (NH₄)₂HPO₄ pH 7.0 Puffer; Lösung B, 100% Methanol; ein nichtlinearer Gradient, mit 30-62% der Lösung B über 25min bei einer Flußrate von 0.2ml/min verteilt.

f)

HPLC-MS-Analyse

Für die HPLC-MS-Analyse wurden die Avilamycin-Derivate auf einer
5 HPLC-Anlage (HP 1110, Hewlett-Packard, Waldbronn) mit einer HP ODS
Hypersil C₁₈ Säule (2.1 by 100 mm; 5 µm) bei einer Flußrate von 0.1
ml/min, Detektion bei 220 nm und dem folgenden Gradienten laufen
gelassen: 0-5 min von 0 % bis 20 % B, 5.1-120 min bis 90 % B (Lösung A,
H₂O : MeOH 3:2; Lösung B, MeOH). Massenspektren wurden auf einem
10 Bruker Esquire-LC 1.6n Massenspektrometer (Bruker Daltonik, Bremen)
mit einer Elektrospray (ES) Ionenquelle (positive ion mode) aufgezeichnet.
Die Meßbreite betrug zwischen 200 - 1800 m/z.

g)

15 GC-MS-Analyse

Eine Analyse der neuen Gavibamycin-Derivate (erfindungsgemäßen
Avilamycin-Derivate), die durch die mutierte Zelle *Streptomyces*
viridochromogenes GW4 synthetisiert worden waren, wurde nach
20 Etylierung mit GC-MS-Analyse durchgeführt. Die Derivate wurden in einer
Mischung aus DMSO und Acetonitril (3:40) gelöst. Nach Zugabe von
Ethyliodid und K₂CO₃ lief die Reaktion über Nacht ab. Nach Abziehen des
Lösungsmittels wurden die Derivate mit HCl/Methanol bei 115°C für 15
min hydrolysiert. Nach Abziehen des Lösungsmittels wurden die Derivate
25 mit Diethylether extrahiert und mit GC-MS analysiert. Ein Hewlett Packard
5973 MSD System wurde verwendet, um EI (electron impact) Spektren
(Säule: SE54, 12m x 0.25mm; d_f= 0.125µ). Die Säulentemperatur wurde
wie folgt programmiert: 50°C für 2 min; 25°C/min bis 100°C; 5°C/min bis
250°C.

B ispiel 2

Klonierung und Sequenzierung des Avilamycin Clusters

- 5 Ein 60kb Abschnitt des Chromosoms des *S. viridochromogenes* Tü57, das Gene enthält, die an der Biosynthese von Avilamycinen beteiligt sind, wurde kloniert und sequenziert. Eine Analyse der DNA-Sequenz ergab 54 „open reading frames“. Es war bereits bekannt, daß das NDP-Glucose 4,6-Dehydratase Gen *aviE* und das Orsellinsäure Synthase-Gen *aviM*
- 10 essentiell für die Biosynthese von Avilamycin A sind. Es wurde die DNA, die die *aviE* und *aviM*-Gene flankiert, isoliert und sequenziert, um den biosynthetischen Avilamycin-Gencluster zu identifizieren. Ein 17.6 kb Stück upstream von *aviM* und ein 35.9 kb Stück downstream von *aviE* wurden sequenziert. Die sequenzierten Gene und ihre Funktion sind
- 15 Tabelle 1 zu entnehmen. Abb. 109 zeigt die genetische Anordnung des biosynthetischen Avilamycin-Genclusters. Der Cluster wird durch ein Avilamycin-Resistenz-Gen (*aviRb*) und einem Desoxyzucker-Synthese-Gen (*aviZ2*) flankiert. Im Zentrum des sequenzierten Abschnitts sind 25 Gene (*aviX10- aviGT4*), die alle in gleicher Richtung transkribiert werden.

20

Beispiel 3

Analyse der ORF's

a) Allgemein

- 25 Es wurde eine Computeranalyse der gefundenen Sequenzen der ORF's durchgeführt. Überwiegend wurden die Ergebnisse eines Sequenzvergleichs mit den Kenntnissen über die Biosynthese des Avilamycins A in Verbindung gesetzt. Die Ergebnisse dieser auf die vorliegenden Experimente gestützten Überlegungen sind in Tabelle 1

abzulesen.

Im folgenden werden die funktionellen Überlegungen an ausgewählten Beispielen, insbesondere den Methyltransferasen und Halogenasen
5 vorgestellt.

b)

**Gene mit einer Funktion in der Biosynthese von
Dichloroisoeberninsäure**

10

AviM ist für die Bildung von Orsellinsäure während der Avilamycin-Biosynthese verantwortlich. *AviN*, das upstream von *aviM* liegt, dürfte für ein Enzym, das das Startsignal für die Orsellinsäure-Synthese kontrolliert, kodieren. Die Biosynthese von Dichloroisoeberninsäure (A in Formel I)
15 ausgehend von Orsellinsäure setzt Methylierung und Di-Halogenierung voraus. Überraschend wurde festgestellt, daß *AviG4*, das *DmpM*, einer O-Demethylpuromycin-O-Methyltransferase aus *S. alboniger* (44% identische AS) ähnelt, und *AviH*, die *PltA*, einer Halogenase aus *Pseudomonas fluorescens* Pf-5, die an der Pyoluteorinbiosynthese (39%
20 identische AS) beteiligt ist, ähnelt, für die Modifizierung der Orsellinsäure verantwortlich sind.

c)

Gene mit einer Funktion in der Biosynthese von Desoxy-Zuckern.

25

2-Desoxy-D-Evalose unterscheidet sich von D-Olucose in einer Methylgruppe an C3-Position. Es ist anzunehmen, daß dNDP-4-keto-2,6-Didesoxy-D-Glucose ein wichtiges Zwischenprodukt in der Biosynthese dieses methylierten Desoxyzuckers ist. Methylierung durch *AviG1*, das *TylCIII* ähnelt, einer 3C-Methyltransferase aus *S. fradiae* (54% identische
30

AS), und Ketoreduktion durch entweder AviZ1 oder AviZ2, die beide Ketoreduktasen und Oxidoreduktasen ähneln, komplettieren die Biosynthese.

5 d)

Gene mit einer Funktion in der Modifikation der Heptasaccharid-Kette

Neben *aviG1*, *aviG4*, *aviRa* und *aviRb* wurden vier weitere Methyltransferase-Gene im Cluster gefunden (*aviG2*, *aviG3*, *aviG5* und
10 *aviG6*). Sie wurden dadurch als potentielle Methyltransferase-Gene identifiziert, daß entweder ihr Produkt Methyltransferasen aus anderen Organismen ähnelt, oder daß sie Motive enthalten, die typischerweise in verschiedenen methylierenden Proteinen gefunden werden. Es wurden
15 von einer erfindungsgemäßen Zelllinie verschiedene Avilamycin-Derivate, die keine Methylgruppe an verschiedenen Positionen im Molekül enthielten, produziert. Das weist darauf hin, daß die Methylierung zu einem sehr späten Zeitpunkt der Biosynthese erfolgt. *AviG2*, *AviG3*, *AviG5* und *AviG6* dürften am D-Fucose-Rest (E), D-Mannose-Rest (F) und am Methyl-Eurekanat-Rest (H) von Avilamycin A methylieren.

20

Beispiel 4

Herstellung einer *aviG4*-Gen Substitutionsmutante

Zur Inaktivierung von *aviG4* wurde das Plasmid pMIKG4E3 konstruiert (s.
25 Beispiel 1), um den Ersatz des Wildtyp-Gens durch ein mutiertes Allel zu erlauben. Nach Bildung von Protoplasten und Transformation von *S. viridochromogenes* mit dem Plasmid pMIKG4E3, wurden Erythromycin resistente Kolonien erhalten. Die Transformationseffektivität war ungefähr 10 Kolonien pro µg Plasmid-DNA. Mehrere Kolonien wurden ohne

Erythromycin auf Platten kultiviert, um nach dem Verlust der Resistenz zu selektieren. Verschiedene sensitive Kolonien wurden erhalten, was darauf hindeutet, daß es sich um die Folge eines „double cross-over“ handelt. Zwei Mutanten, G4/24/20 und G4/24/30, wurden weiter untersucht. PCR-Fragmente, die unter Benutzung der Primer aviG4F- und aviG4R-DNA von G4/24/20 und G4/24/30 amplifiziert wurden, konnten nicht von *NcoI* geschnitten werden, während PCR-Fragmente aus Wildtyp-DNA von diesem Enzym geschnitten werden konnten. Um die Deletion in *aviG4* nachzuweisen wurden wie folgt Southern-Blot-Analysen durchgeführt. *NcoI*-geschnittene, chromosomale DNA wurde aus G4/24/20 und G4/24/30 gewonnen. Als diese DNA mit einem 1.9 kb-Fragment, das das ganze *aviG4*-Gen enthielt, hybridisiert wurde, wurde ein 11 kb-Fragment detektiert, während die zu erwartenden 5 kb- und 6 kb-Fragmente in der *S. viridochromogenes* Tü57 Linie gefunden wurden (Abb. 110). Die Mutante G4/24/30 wurde unter dem neuen Namen *S. viridochromogenes* GW4 für weitere Experimente genutzt.

Beispiel 5

Herstellung einer *aviG4*-- *aviH* Doppelgen-Ersatz-Mutante

Das Plasmid pSP 1 S2Nar wurde entwickelt, um das *aviH*-Gen auszuschalten (s. Beispiel 1). *S. viridochromogenes* GW4 Protoplasten wurden mit diesem Plasmid transformiert. Es traten ca. 20 erythromycin-resistente Kolonien pro µg DNA auf. Einige davon wurden zum Screening, ob die Erythromycin-Resistenz verloren geht (was ein „double-cross-over“ anzeigt), kultiviert. Die Mutante GW4-AM1 wurde für weitere Experimente ausgewählt. Ein 1.34 kb PCR-Fragment, das unter Verwendung der Primer S2A und S2B aus H/3/16 gewonnen wurde, konnte von *NarI* nicht geschnitten werden, während das PCR-Fragment aus GW4 vom Enzym verdaut wurde. Um die Deletion in *aviH* nachzuweisen wurde eine

Southern-Blot-Analyse durchgeführt. Chromosomale DNA aus H/3/16 wurde mit *NarI* geschnitten und mit einer 3,7 kb Sonde, die das *aviH*-Gen enthielt, hybridisiert. Es wurde ein 5.7 kb-Fragment detektiert, während bei chromosomaler DNA aus GW4 die Fragment erwartungsgemäß bei
5 4.3 kb und 1.4 kb lagen (nicht gezeigt).

Beispiel 6

Vervollständigung von *S. viridochromogenes* GW4 und *S. viridochromogenes* GW4-AM1

10

Um klar zu überprüfen, ob die Mutation nur die gewünschten und keine anderen Gene betrifft, wurden *aviG4* und *aviH* hinter dem *ermE*-up Promoter ligiert, in das Integrationsplasmid pSET152 einkloniert und durch Protoplasten-Transformation in die entsprechenden Mutanten eingeführt.
15 Die Produktion von Avilamycinen bzw. Gavibamycinen wurde wieder hergestellt. Damit ist jede Art von „upstream“- oder „downstream“-Effekt auszuschließen.

Beispiel 7

20 Analyse der neugebildeten Avilamycin-Derivate durch *S. viridochromogenes* GW4 und *S. viridochromogenes* GW4-AM1

Avilamycin A (M+Na: 1425) und Avilamycin C (M+Na: 1427) wurden in Extrakten von *S. viridochromogenes* Tü57 durch Flüssigchromatographie
25 (LC)-Massenspektrometrie-Analyse nachgewiesen. Avilamycin C war die Hauptkomponente. Messung bei hoher Auflösung zeigte, daß beide Verbindungen 2 Chloratome enthalten, die an ihrem typischen Isotopenmuster erkannt werden können. Die Masse der zwei durch *S. viridochromogenes* GW4 gebildeten Hauptverbindungen war 1411 (M+Na)

und 1413 (M+Na) (Abb. 111) was zeigt, daß *aviG4* wirklich für eine Methyltransferase kodiert. Die Hauptprodukte der Mutante GW4 wurden isoliert, durch Behandlung mit Ethyliodid ethyliert und unter Verwendung von Methanol und Salzsäure hydrolysiert. Die Reaktionsprodukte wurden
5 durch GC-MS analysiert. Das Massenspektrum dieser Probe zeigte mehrere Peaks (Abb. 112). Der Peak bei m/z 436 entspricht dem D-Olivosylester der Dichloro-di-O-ethyl-orsellinsäure und die meisten weiteren Peaks (m/z 405, m/z 275, m/z 247) entsprachen Fragmenten, die vom Orsellinsäure-Rest ausgehen (Abb. 112). Das legt den Schluß nahe,
10 daß die Differenz zwischen Avilamycin A (C) und dem neuen Derivat, Gavibamycin A1 (A3), aus einer Veränderung der Struktur des Orsellinsäure-Rests resultiert.

Gavibamycin A1 und A3 entsprechen der allgemeinen Formel I mit der
15 folgenden Bedeutung für die Reste R1-R9:

Nr.	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9
A1	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
A3	COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃

S. viridochromogenes GW4-AM1 wurde auch durch HPLC-MS analysiert. Die Masse der zwei Haupt-Avilamycin-Derivate war 1343 (M+Na) und
20 1345 (M+Na). Bei einem Vergleich des Isotopenmusters der Haupt-Derivate aus der Mutante GW4 zeigte das Isotopenmuster der Hauptprodukte der Mutante GW4-AM1 keine spezifischen Signale für Chloridionen (Abb. 111), was darauf hindeutet, daß die Inaktivierung von *aviH* zum Verlust beider Chlorid-Atome führt. Die neuen Derivate wurden
25 Gavibamycin B 1 (Avilamycin A-Analogon) und Gavibamycin B3 (Avilamycin C-Analogon) genannt.

Gavibamycin B1 und B3 entsprechen der allgemeinen Formel I mit der folgenden Bedeutung für die Reste R1-R9:

Nr.	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9
B1	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
B3	COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃

5

Beispiel 8

Biologische Eigenschaften von Gavibamycin A3

Das antimikrobielle Spektrum von Gavibamycin A3 wurde bestimmt und mit dem von Avilamycin A verglichen. Dabei wurde die „broth-microdilution“-Methode gemäß den Vorschriften des nationalen Kommittees für klinische Labor-Standards angewandt. Beide Metaboliten zeigten antibiotische Aktivität gegen *Bacillus subtilis*, *Staphylococcus aureus* ATCC6538, *Staphylococcus aureus* ATCC6538P, *Staphylococcus aureus* ATCC29213, *Staphylococcus aureus* Q48-1.2.1, *Enterococcus faecalis* ATCC29212, *Enterococcus faecalis* H-7-6 und *Streptococcus pneumoniae* ATCC49619.

Erste Tests zeigen weiter, daß Gavibamycin A3 etwas aktiver gegen verschiedene *Staphylococcus aureus* Stämme ist als Avilamycin A und es scheint zusätzlich viel hydrophiler zu sein wie an den R_f-Werten abzusehen ist. Auch die nicht-chlorierten Gavibamycin-Derivate waren antibiotisch aktiv.

25 Beispiel 9

Die Mutanten *S. viridochromogenes* GW2 und GW5 sowie die durch diese gebildeten erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate

Wie bei den Varianten GW4 und GW4-AM1 wurden basierend auf *S. viridochromogenes* Mutanten GW2 und GW5 hergestellt, wobei bei allen von beiden Mutanten synthetisierten Avilamycin-Derivaten jeweils R3 = OH ist und bei den Produkten der Mutante GW2 R6 = H und bei den Produkten der Mutante GW5 R9 = H ist. Dabei wurden völlig analog wie in den Beispielen 4 bis 6, insbesondere 5, vorgegangen, so dass bei GW2, einer Doppelmutante, neben aviG4 (s. Bsp. 4) auch aviG2 genetisch verändert (ausgeschaltet) wurde. Bei der Mutante GW5, ebenfalls einer Doppelmutante, wurde neben aviG4 auch aviG5 genetisch verändert (ausgeschaltet). An den erfindungsgemäßen Produkten dieser Mutanten GW2 und GW5 ist erkennbar, dass die entsprechenden Methyltransferasen (aviG2 bzw. aviG5 und jeweils aviG4) ausgeschaltet wurden.

Beispiel 10

Parenterale Applikationsform

5 g Gavibamycin A3 werden in 1 l Wasser, ggf. unter Einsatz eines pharmazeutisch gut verträglichen Löslichkeitsverbesserers, für Injektionszwecke bei Raumtemperatur gelöst und anschließend durch Zugabe von wasserfreier Glukose für Injektionszwecke auf isotone Bedingungen eingestellt.

Appliziert werden davon bei einem Durchschnittspatienten von ca. 65 kg Körpergewicht beispielsweise 0,5 ml also 2,5 mg bzw. $\approx 40 \mu\text{g/kg}$. Die verabreichte Dosis zeigte keinerlei Kontraindikation und erwies sich für die Patienten als gut verträglich. Auch eine bis zu 20-fach höhere Dosierung von Gavibamycin A3 erwies sich als toxikologisch unbedenklich und gut verträglich.

Beispiel 11

Zusammenfassend ist festzustellen, daß erfindungsgemäß eine detaillierte Sequenzanalyse des *avi* Gensatzes mehrere Merkmale aufweist, die ein
5 Modell eines biosynthetischen Stoffwechselwegs zu erfindungsgemäßen komplexen Oligosaccharid-Antibiotika vorschlagen. Die Funktion der für die Zuckerbiosynthese verantwortlichen Gene kann aus ihren Aminosäuresequenzen abgeleitet werden, die solchen Proteinen ähneln, die an der Biosynthese von D-Olivose in anderen Organismen beteiligt
10 sind. Wie für die Biosynthese von D-Olivose in *Streptomyces violaceoruber* Tü22 (Granaticin-Produzent) und *Streptomyces fradiae* (Urdamycin-Produzent) beschrieben, beginnt die Biosynthese vom Glukose-1-Phosphat, das zu dTDP-D-Olivose und dTDP-2-Desoxy-D-Evalose durch mehrere Enzyme konvertiert wird. Ein neues Merkmal in
15 diesem Stoffwechselweg ist, daß daran drei verschiedene dNDP-Hexose-4,6-Dehydratase-Gene beteiligt sind. Auf der Basis von Sequenzhomologien ist AviE1 eine dTDP-Glukose-4,6-Dehydratase und AviE3 eine GDP-Mannose-4,6-Dehydratase, was anzeigt, daß die Biosynthese von einigen dieser verschiedenen Zuckereinheiten aus
20 verschiedenen nukleotidgebundenen Hexosepools beginnt. Auf der Basis der Struktur von Avilamycin A und außerdem indiziert durch die vermeintliche Funktion von einigen Genprodukten beginnt die Biosynthese von D-Lyxose sogar von einem dritten Zucker-Pool, so daß es sich um ein Produkt des Pentose-Phosphat-Stoffwechselwegs handeln könnte. Rest H
25 von Avilamycin A ist ursprünglich als Methyleurekanat, abgeleitet von 2,3-di-O-Methylen-4,5-Dihydroxyhexansäure, beschrieben worden. Die erfindungsgemäße Sequenzanalyse allerdings zeigt, daß Methyleurekanat auch das Produkt eines biosynthetischen Zuckerstoffwechselwegs ist. Dies alles zusammengekommen läßt aufgrund der Zahl der
30 Zuckereinheiten darauf schließen, daß das Avilamycin-Cluster sechs

Glykosyltransferase-Gene aufweist. Allerdings sind nur vier im erfindungsgemäßen Avilamycin-Cluster gefunden worden. Eine denkbare Erklärung könnte die Beteiligung von einer oder mehr Glykosyltransferasen in mehreren Syntheseschritten sein oder die
5 Beteiligung von Glykosyltransferasen, die in Regionen außerhalb dieses Gen-Clusters codiert werden. Drei von vier Glykosyltransferasen erinnern stärker an Glykosyltransferasen für die Biosynthese von O-Antigen-Strukturen oder Zellwandpolysacchariden, was durch die polysaccharidähnliche Struktur von Avilamycinen erklärt werden kann.

10

Der *avi* Stoffwechselweg enthält sogar weitere interessante Merkmale: zwei Orthoesterbrücken und eine Methylenbrücke. Unter Berücksichtigung der oxidativen Natur dieser C-O-C-Arrangements dürften die α -Ketoglutarat-abhängigen Oxygnasen *AviO1*, *AviO2* und *AviO3* die Bildung
15 dieser seltenen Bindung katalysieren. Es wird daher erfindungsgemäß beschrieben, daß solche Enzyme molekularen Sauerstoff als direkten Elektronenakzeptor für die Oxidation durch den Gebrauch von α -Ketoglutarat als Cosubstrat verwenden und hierdurch schließlich die C-O-C-Bindungen, Succinat und CO_2 produzieren. Avilamycin A-
20 Heptasaccharid wird durch Methylierung, durch Ankopplung von Acetat, Ankopplung von Dichloroisoeberninsäure und durch Ankopplung von einer Isobutyryleinheit modifiziert. Sechs Methyltransferase-Gene sind im Cluster vorhanden, was der Zahl nach für die Avilamycin-Biosynthese ausreicht, während die Gene die für die Ankopplung der anderen Reste
25 verantwortlich sind, noch nicht lokalisiert worden sind. Interessanterweise wurde erfindungsgemäß herausgefunden, daß *aviB1* und *aviB2* solche Enzyme kodieren, die der Alpha- und der Beta-Kette von Komponenten 1 der 2-Oxosäuredehydrogenase-Komplexe ähnlich sind. Diese Komplexe werden normalerweise aus 3 enzymatischen Einheiten zusammengesetzt,
30 nämlich den TPP-abhängigen Dyhydrogenasen (Heterotetramere $(\alpha_2\beta_2)$),

Dihydrolipoamide-Acetyltransferasen (Homomultimere) und Dihydrolipoamid-Dehydrogenasen (Homodimere). Die ORFs, die für die letztgenannten Komponenten dieser Komplexe kodieren, sind entweder noch nicht lokalisiert worden innerhalb des Clusters, liegen nicht im Cluster oder werden für die Biosynthese von Avilamycinen überhaupt nicht
5 gebraucht.

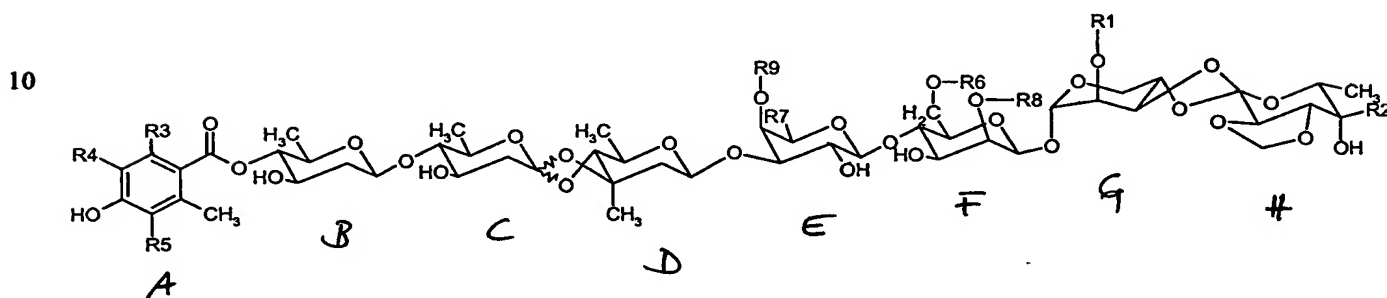
Weiterhin wurde Gavibamycin A3 auf seine antibiotische Aktivität getestet. Die ersten MIC-Versuche zeigten, daß Gavibamycin A3 etwas stärker
10 gegen verschiedene *Staphylococcus aureus*-Stämme als Avilamycin A aktiv ist. Darüber hinaus ist es etwas stärker hydrophil als Avilamycin A, wie durch die Retentionsfaktoren aus der DC- und HPLC-Analyse gezeigt wurde. Die nicht-chlorierten Gavibamycin-Derivate sind auch antibiotisch
aktiv.

Literatur:

- Buzzetti, F., Eisenberg, F., Grant, H.N., Keller-Schierlein, W., Voser, W., Zähler, H. (1968) *Experientia* 24(4): 320-323.
- 5 - Foster, D.R., Rybak, M.J. (1999) *Pharmacotherapy* 19:1111-1117
- Langer, E. (1987) Vergleichende Untersuchungen zur Wirkungsweise von Avilamycin A und Eveminomicin B. Diplomarbeit der Fakultät für Biologie, Eberhard-Karls-Universität Tübingen.
- Mertz, J.L., Peloso, J.S., Barker, B.J., Babbitt, G.E., Occolowitz, J.L.,
10 Simson, V.L., Kline, R.M. (1986) *Antibiot* 39(7): 877-887.
- Walker, C.A. (1976) Eveminomycin B - a possible site of action. 16th Interscience conference on antimicrobial agents and chemotherapy, Abstract 116
- Weitnauer, G., Bechthold, A. (1999) *PZ Prisma* 2:117-125.
- 15 - Wolf, H. (1973) *FEBS Lett* 36(2): 181-186.
- Wright, D. (1979) *Tetrahedron Lett.* 35:1207-1237
- Zähler, H. (1999) Tübingen, persönliche Mitteilung

Patentansprüche

1. Avilamycin-Derivat gemäß allgemeiner Formel I, auch in Form seiner Diastereomere oder Enantiomere bzw. racemischer oder anderer Gemische oder reiner Diastereomere und/oder Enantiomere,



, worin unabhängig voneinander mit unten folgender Ausnahme

R1 ausgewählt ist aus H, COCH₃, COC₄H₉, COCH(CH₃)₂ oder COCH₂CH₃,

R2 ausgewählt ist aus H, CHO, COCH₃ oder CH(OH)CH₃,

R3 OCH₃ entspricht,

R4 Cl entspricht,

R5 Cl entspricht,

R6 CH₃ entspricht,

R7 H, CH₃ oder CH₂OH entspricht,

R8 CH₃ entspricht

und

5

R9 CH₃ entspricht,

worin in Bezug auf mindestens einen der Reste R3-R6, R8 oder R9 in Formel I abweichend von der voranstehenden Definition folgendes gilt:

10

R3 ist durch OH zu ersetzen,

R4 ist durch H zu ersetzen,

15

R5 ist durch H zu ersetzen,

R6 ist durch H zu ersetzen,

R8 ist durch H zu ersetzen

20

und/oder

R9 ist durch H zu ersetzen,

25

mit der Maßgabe, daß R1-R9 nicht gleichzeitig die Bedeutungen gemäß der jeweiligen Kombination in einer der Verbindungen 1 - 4 annehmen können:

Nr.	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9
1	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
2	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃

3	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
4	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃

2. Avilamycin-Derivat gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß mindestens R3 durch OH zu ersetzen ist, mit der Maßgabe, daß R1-R9 nicht gleichzeitig die Bedeutungen gemäß der Kombination in der Verbindung 1 annehmen können:

Nr.	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9
1	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃

3. Avilamycin-Derivat gemäß einem der Ansprüche 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß mindestens R4 und R5 in Formel I durch H zu ersetzen sind.

4. Avilamycin-Derivat gemäß einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, daß mindestens R6, R8 und/oder R9 durch H zu ersetzen ist/sind, mit der Maßgabe, daß R1-R9 nicht gleichzeitig die Bedeutungen gemäß der Kombination in der Verbindung 3 oder nicht gleichzeitig die Bedeutungen gemäß der Kombination in der Verbindung 4 annehmen können:

Nr.	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9
3	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
4	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃

5. Avilamycin-Derivat gemäß einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß zum einen mindestens R3 durch OH zu ersetzen ist und zum anderen mindestens R4 und R5 durch H zu ersetzen sind oder mindestens R6, R8 und/oder R9 durch H zu ersetzen ist/sind.

6. Avilamycin-Derivat gemäß allgemeiner Formel I, auch in Form seiner Diastereomere oder Enantiomere bzw. racemischer oder anderer Gemische oder reiner Diastereomere und/oder Enantiomere, ausgewählt aus Verbindungen, in denen R1-R9 jeweils wie folgt kombiniert sind:

R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₂ CH ₃	H	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
H	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
H	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COC ₄ H ₉	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₂ OH	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CHO	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	H	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₂ CH ₃	H	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₃	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
H	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
H	CH(OH)CH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COC ₄ H ₉	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₂ OH	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CHO	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	H	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₂ CH ₃	H	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃

COCH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
H	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
H	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COC ₄ H ₉	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₂ OH	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CHO	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	H	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH ₂ CH ₃	H	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
H	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
H	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COC ₄ H ₉	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	H	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₂ OH	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CHO	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	H	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH ₂ CH ₃	H	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
H	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
H	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COC ₄ H ₉	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	H

COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₂ OH	CH ₃	H
COCH(CH ₃) ₂	CHO	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	H	CH ₃	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH ₂ CH ₃	H	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
H	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
H	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	H	CH ₃	H	H
COC ₄ H ₉	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	H	H	CH ₃	H	H
COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₂ OH	H	H
COCH(CH ₃) ₂	CHO	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	H	H	H
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	H	H

, vorzugsweise

R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	H

- 5 7. Avilamycin-Derivat, dadurch erhältlich, daß in einer kultivierbaren Zelle, die die nötigen Gene bzw. Enzyme zur Synthese eines Orthosomycin-Grundkörpers bestehend aus

- (a) einem endständigen Dichloroisoeberninsäure-Rest (A in Formel I) und
- (b) einem damit veresterten, über normale Esterbindung und Orthoesterbindungen verknüpften Heptasaccharid (B bis H in Formel I) aus:

- (i) zwei D-Olucose-Resten (B und C)
- (ii) einem 2-Desoxy-D-Evalose-Rest (D),
- (iii) einem D-Fucose-Rest (E),
- (iv) einem D-Mannose-Rest (F),
- (v) einem L-Lyxose-Rest (G) und
- (vi) einem (Methyl-)Eurekanat Rest (H)

aufweist, mindestens eine Nukleinsäure, deren Sequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Abbildungen 1 bis 54 entspricht, gentechnologisch verändert, deletiert oder nicht exprimiert wird, die so modifizierte Zelle kultiviert wird, der Kulturüberstand gewonnen und aufgearbeitet wird, das oder die Avilamycin-Derivat/e aufgereinigt und isoliert wird und gegebenenfalls verschiedene Derivate getrennt werden,

mit der Maßgabe, daß R1-R9 nicht gleichzeitig die Bedeutungen gemäß der jeweiligen Kombination in einer der Verbindungen 1 - 16 annehmen können:

Nr	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9
1	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
2	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
3	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	H	CH ₃	CH ₃	CH ₃
4	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	H	CH ₃
5	COCH(CH ₃) ₂	CHO	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃

6	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	H	CH ₃	CH ₃
7	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
8	COCH ₂ CH ₃	H	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
9	COCH ₃	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
10	COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
11	H	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
12	COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
13	H	CH(OH)CH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
14	COC ₄ H ₉	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
15	COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	CH ₃	CH ₃
16	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₂ OH	CH ₃	CH ₃

8. Avilamycin-Derivat gemäß Anspruch 7, dadurch gekennzeichnet, daß die kultivierbare Zelle ausgewählt ist aus einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes* oder einer Zelle, die mit Ausnahme der gentechnologisch veränderten, deletierten oder nicht exprimierten Nukleinsäure/n die Nukleinsäuren gemäß einer Sequenz einer der laufenden Nr. 1-54 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) bzw. dazu zu mindestens 95%, vorzugsweise 97 %, homologe Nukleinsäuren enthält oder das Gencluster gemäß Abb. 109 enthält, vorzugsweise ausgewählt ist aus einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes*, insbesondere einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes* Tü 57.
9. Avilamycin-Derivat gemäß einem der Ansprüche 7 oder 8, dadurch gekennzeichnet, daß die veränderte/n Nukleinsäure/n für eine Methyltransferase und/oder für eine Halogenase kodierte/n.
10. Avilamycin-Derivat gemäß Anspruch 9, dadurch gekennzeichnet, daß die Sequenz/en der veränderte/n Nukleinsäure/n vor der Veränderung zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der/den Nukleinsäuresequenz/en mindestens einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1 oder 2-7 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), vorzugsweise einer der Sequenzen mit laufender Nr.

1, 2, 4 oder 6 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) entspricht, insbesondere der Sequenz mit laufender Nr. 2 oder den Sequenzen mit den laufenden Nr. 2 und Nr. 1, Nr. 2 und Nr. 4 oder Nr. 2 und Nr. 6 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1).

5

11. Avilamycin-Derivat gemäß einem der Ansprüche 7 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß die Veränderung der Nukleinsäure/n dazu führt, daß das oder die durch die gentechnologisch veränderte/n Nukleinsäure/n kodierte/n Protein/e oder Polypeptid/e nach der gentechnologischen Veränderung nicht mehr synthetisiert wird/werden.

10

12. Avilamycin-Derivat, gemäß einem der Ansprüche 1 bis 5, 6 oder 7 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß es hydrophiler ist als Avilamycin A oder C bzw. Evernimycin (Ziracin).

15

13. Nukleinsäure in ihrer Sequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, entsprechend der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1 bis 51 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1).

20

14. Nukleinsäure gemäß Anspruch 13, dadurch gekennzeichnet, daß die Nukleinsäure zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1 bis 32 und 48 bis 51 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), vorzugsweise 1 bis 7, insbesondere 1, 2, 4 oder 6, entspricht.

25

15. Gencluster enthaltend „Open reading frames“, vorzugsweise 54, die in ihrer Nukleinsäuresequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, den Nukleinsäuresequenzen gemäß

30

den Sequenzen mit laufender Nr. 1 bis 54 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) entsprechen und die auf einem Nukleinsäurestrang angeordnet sind, vorzugsweise gemäß Abb. 109.

- 5 16. Protein oder Polypeptid in seiner Aminosäuresequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, entsprechend der Aminosäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit laufender Nr. 55 – 104 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1).
- 10
17. Protein oder Polypeptid gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß das Protein oder Polypeptid zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit laufender
- 15 Nr. 55 bis 86 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), vorzugsweise 55 bis 61, insbesondere 55, 56, 58 oder 60, entspricht.
18. Protein oder Polypeptid kodiert durch eine Nukleinsäure gemäß einem der Ansprüche 13 oder 14.
- 20
19. Gentechnologisch veränderte Zelle enthaltend mindestens eine nicht endogene Nukleinsäure gemäß einem der Ansprüche 13 oder 14, einen nicht-endogenen Gencluster gemäß Anspruch 15 und/oder ein nicht-endogenes Protein oder Polypeptid gemäß
- 25 einem der Ansprüche 16-18.
20. Zelle enthaltend mindestens eine gentechnologisch veränderte Nukleinsäure, deren Sequenz vor der Veränderung zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der
- 30 Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1 bis 54 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) entsprach.

21. Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes*, vorzugsweise vom Subtyp Tü57, dadurch gekennzeichnet, daß mindestens eine der Nukleinsäuren mit einer Sequenz gemäß einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1-54 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) gentechnologisch verändert oder deletiert wurde.
22. Zelle gemäß Anspruch 21, dadurch gekennzeichnet, daß mindestens eine der Nukleinsäuren mit einer Sequenz gemäß einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1 oder 2-7 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), vorzugsweise mit einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1, 2, 4 oder 6 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), insbesondere mit einer Sequenz mit laufender Nr. 2 oder mit den Sequenzen mit den laufenden Nr. 2 und Nr. 1, Nr. 2 und Nr. 4 oder Nr. 2 und Nr. 6 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), gentechnologisch verändert oder deletiert wurde.
23. Zelle gemäß Anspruch 21 vom Mutanten-Typ *Streptomyces viridochromogenes* GW4, *Streptomyces viridochromogenes*, GW4-AM1, *Streptomyces viridochromogenes* GW2 oder *Streptomyces viridochromogenes* GW5, dadurch gekennzeichnet, daß vom Mutanten-Typ *Streptomyces viridochromogenes* GW4 Avilamycin-Derivate synthetisiert werden, in denen R3 = OH ist, vom Mutanten-Typ *Streptomyces viridochromogenes* GW4-AM1 Avilamycin-Derivate synthetisiert werden, in denen R3 = OH, R4 = H und R5 = H sind, vom Mutanten-Typ *Streptomyces viridochromogenes* GW2 Avilamycin-Derivate synthetisiert werden, in denen R3 = OH und R6 = H sind und vom Mutanten-Typ *Streptomyces viridochromogenes* GW5 Avilamycin-Derivate synthetisiert werden, in denen R3 = OH und R9 = H sind.

24. Verwendung einer Nukleinsäure gemäß einem der Ansprüche 13 oder 14, eines Genclusters gemäß Anspruch 15, eines Proteins oder Polypeptids gemäß einem der Ansprüche 16 bis 18 und/oder einer Zelle gemäß einem der Ansprüche 19 bis 22 zur Herstellung eines Avilamycin-Derivats, vorzugsweise gemäß einem der Ansprüche 1 bis 12.
25. Verfahren zur Herstellung von Avilamycin-Derivaten gemäß einem der Ansprüche 1 bis 6 gekennzeichnet durch folgende Schritte:
- (1) in einer kultivierbaren Zelle, die die nötigen Gene bzw. Enzyme zur Synthese des Orthosomycin-Grundkörpers bestehend aus
- (a) einem endständigen Dichloroisoeberninsäure-Rest (A in Formel I) und
- (b) einem damit veresterten, über normale Esterbindung und Orthoesterbindungen verknüpften Heptasaccharid (B bis H in Formel I) aus:
- (i) zwei D-Olivose-Resten (B und C)
- (ii) einem 2-Desoxy-D-Evalose-Rest (D),
- (iii) einem D-Fucose-Rest (E),
- (iv) einem D-Mannose-Rest (F),
- (v) einem L-Lyxose-Rest (G) und
- (vi) einem (Methyl-)Eurekanat Rest (H)
- aufweist, wird mindestens eine Nukleinsäure, deren Sequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit laufenden Nr. 1 bis 54 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1)

entspricht, gentechnologisch verändert, deletiert oder nicht exprimiert,

- (2) die so gentechnologisch veränderte Zelle wird kultiviert,
 - 5 (3) der Kulturüberstand wird gewonnen,
 - (4) der Kulturüberstand wird aufgearbeitet und dabei das oder die entstandene/n Avilamycin-Derivat/e aufgereinigt und isoliert,
 - (5) gegebenenfalls werden unterschiedliche Derivate getrennt.
- 10 26. Verfahren gemäß Anspruch 25, dadurch gekennzeichnet, daß die kultivierbare Zelle ausgewählt ist aus einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes* oder einer Zelle, die mit Ausnahme der gentechnologisch veränderten, deletierten oder nicht exprimierten Nukleinsäure die Nukleinsäuren gemäß einer Sequenz
- 15 mit laufender Nr. 1-54 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) bzw. dazu zu mindestens 95%, vorzugsweise 97 %, homologe Nukleinsäuren enthält oder den Gencluster gemäß Anspruch 14 enthält, vorzugsweise ausgewählt ist aus einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes*, insbesondere einer Zelle vom Typ
- 20 *Streptomyces viridochromogenes* Tü 57.
27. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 25 oder 26, dadurch gekennzeichnet, daß die veränderte/n Nukleinsäure/n für eine Methyltransferase und/oder für eine Halogenase kodiert/en.
- 25 28. Verfahren gemäß Anspruch 27, dadurch gekennzeichnet, daß die Sequenz/en der veränderte/n Nukleinsäure/n vor der Veränderung zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der/den Nukleinsäuresequenz/en mindestens einer der Sequenzen
- 30 mit laufender Nr. 1 oder 2-7 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), vorzugsweise einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1, 2, 4 oder 6

(Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) entspricht, insbesondere der Sequenz mit laufender Nr. 2 oder den Sequenzen mit den laufenden Nr. 2 und Nr. 1, Nr. 2 und Nr. 4 oder Nr. 2 und Nr. 6 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1).

5

29. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 25 bis 28, dadurch gekennzeichnet, daß die Veränderung der Nukleinsäure/n dazu führt, daß das oder die durch die gentechnologisch veränderte/n Nukleinsäure/n kodierte/n Protein/e oder Polypeptid/e nach der gentechnologischen Veränderung nicht mehr synthetisiert wird/werden.

10

30. Arzneimittel enthaltend Avilamycin-Derivate gemäß einem der Ansprüche 1 bis 12 sowie gegebenenfalls geeignete Zusatz- und/oder Hilfsstoffe.

15

31. Verwendung eines Avilamycin-Derivats gemäß einem der Ansprüche 1 bis 12 zur Herstellung eines Arzneimittels mit antibiotischer Wirkung zur Behandlung bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung von Erkrankungen, bspw. Infektionskrankheiten.

20

Zusammenfassung

Die Erfindung betrifft Avilamycin-Derivate, gentechnologische biosynthetische Verfahren zu deren Herstellung, Arzneimittel enthaltend
5 diese Verbindungen, sowie die Verwendung dieser Verbindungen zur Herstellung eines Arzneimittels gegen Infektionskrankheiten wie auch Nucleinsäuren, Proteine und Gencluster und entsprechende Zellen, die mit der Herstellung dieser Avilamycin-Derivate verbunden sind.

Abb. 1

Sequenz des Avilamycin-
Biosynthesegencusters
(Genstarts sind besonders
gekennzeichnet)

```

      D V M R V A A F T S L L Q I S V S A
      I W W G Y P P S R R C F S S R C P R
      S G G D T R R R V D V S A P D V R V
      ---
3' CCT AGG TGG TAG GCA TGC CGC CGC TTG CAG CTG TCT TCG ACC TAG CTG TGC CTG
      9      18      27      36      45      54
5' GGA TCC ACC ATC CGT ACG GCG GCG AAC GTC GAC AGA AGC TGG ATC GAC ACG GAC
      ---
      G S T I R T A A N V D R S W I D T D
      D P P S V R R R T S T E A G S T R T
      I H H P Y G G E R R Q K L D R H G R

      R A N N L S R R P P R G T V T T L S
      A R T T * R G G R R G G P S P P * R
      R A R Q E A V A E A A E R H R H D V
      ---
CGC GCG CGC AAC AAG TCG CTG GCG GAG CCG CCG GAG GGC CAC TGC CAC CAG TTG
      63      72      81      90      99      108
GCG GCG GCG TTG TTC AGC GAC CGC CTC GGC GGC CTC CCG GTG ACG GTG GTC AAC
      ---
      A R A L F S D R L G G L P V T V V N
      R A R C S A T A S A A S R * R W S T
      A R V V Q R P P R R P P G D G G Q R

      A S A A P T A S I C K P A P R S R R
      R P R P R R R R S A S R R P G R G G
      V R V R G A D G L H V E A R A A V A
      ---
CTG CGC CTG CGC CGG CCG CAG CGG CTC TAC GTG AAG CCG CGC CCG GCG CTG GCG
      117      126      135      144      153      162
GAC GCG GAC GCG GCC GGC GTC GCC GAG ATG CAC TTC GGC GCG GGC CGC GAC CGC
      ---
      D A D A A G V A E M H F G A G R D R
      T R T R P A S P R C T S A R A A T A
      R G R G R R R R D A L R R G P R P P

      P V T I R R V R P V P M P L A S N M
      P C R S G G * G R C P C R C R A T *
      P A G H D E E G E A R A D A A R Q E
      ---
GCC CCG TGG CAC TAG GAG GAG TGG GAG CCG TGC CCG TAG CCG TCG CGC GAC AAG
      171      180      189      198      207      216
CGG GGC ACC GTG ATC CTC CTC ACC CTC GGC ACG GGC ATC GGC AGC GCG CTG TTC
      ---
      R G T V I L L T L G T G I G S A L F
      G A P * S S S P S A R A S A A R C S
      G H R D P P H P R H G H R Q R A V H

      S P A R T G L V S S P W R S S W P W
      R R R G P G W C P A P G G R V G H G
      D V A G Q D G V R L Q A V E F E M A
      ---
TAG CTG CCG CGG GAC CAG GGG TTG TGC CTC GAC CCG GTG GAG CTT GAG GTA CCG

```

		225			234			243			252			261			270
ATC	GAC	GGC	GCC	CTG	GTC	CCC	AAC	ACG	GAG	CTG	GGC	CAC	CTC	GAA	CTC	CAT	GGC
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
I	D	G	A	L	V	P	N	T	E	L	G	H	L	E	L	H	G
S	T	A	P	W	S	P	T	R	S	W	A	T	S	N	S	M	A
R	R	R	P	G	P	Q	H	G	A	G	P	P	R	T	P	W	P
S	A	S	F	R	A	E	L	L	A	L	S	S	S	S	S	L	Q
H	R	R	S	A	R	R	W	C	P	W	P	P	R	P	A	S	S
M	V	G	L	L	A	G	G	A	L	G	P	L	V	L	L	Q	A
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
GTA	CTG	CGG	CTC	TTC	GCG	CGG	AGG	TCG	TTC	CGG	TCC	CTC	CTG	CTC	CTC	GAC	TCG
		279			288			297			306			315			324
CAT	GAC	GCC	GAG	AAG	CGC	GCC	TCC	AGC	AAG	GCC	AGG	GAG	GAC	GAG	GAG	CTG	AGC
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
H	D	A	E	K	R	A	S	S	K	A	R	E	D	E	E	L	S
M	T	P	R	S	A	P	P	A	R	P	G	R	T	R	S	*	A
*	R	R	E	A	R	L	Q	Q	G	Q	G	G	R	G	A	E	L
S	C	Q	A	R	R	T	W	F	Y	R	A	W	T	S	I	S	N
P	A	S	P	G	G	R	G	S	T	G	R	G	H	R	S	A	T
P	L	V	P	G	A	A	D	L	L	V	E	G	M	D	L	H	Q
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
ACC	CTC	GTG	ACC	CGG	GCG	GCG	CAG	GTC	TTC	ATG	GAG	CGG	GTA	CAG	CTC	TAC	GAC
		333			342			351			360			369			378
TGG	GAG	CAC	TGG	GCC	CGC	CGC	GTC	CAG	AAG	TAC	CTC	GCC	CAT	GTC	GAG	ATG	CTG
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
W	E	H	W	A	R	R	V	Q	K	Y	L	A	H	V	E	M	L
G	S	T	G	P	A	A	S	R	S	T	S	P	M	S	R	C	C
G	A	L	G	P	P	R	P	E	V	P	R	P	C	R	D	A	V
E	G	S	S	N	M	M	P	P	P	T	L	R	L	D	W	L	N
R	G	P	A	T	*	*	R	R	R	P	S	G	C	T	G	C	T
E	G	R	L	Q	E	D	D	A	A	P	H	A	A	L	G	V	L
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
AAG	AGG	GGC	CTC	GAC	AAG	TAG	TAG	CCG	CCG	CCC	CAC	TCG	GCG	TTC	AGG	GTG	TTC
		387			396			405			414			423			432
TTC	TCC	CCG	GAG	CTG	TTC	ATC	ATC	GGC	GGC	GGG	GTG	AGC	CGC	AAG	TCC	CAC	AAG
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
F	S	P	E	L	F	I	I	G	G	G	V	S	R	K	S	H	K
S	P	R	S	C	S	S	S	A	A	G	*	A	A	S	P	T	S
L	P	G	A	V	H	H	R	R	R	G	E	P	Q	V	P	Q	V
R	C	R	M	S	P	M	L	A	S	I	T	G	A	W	S	C	F
G	A	G	*	R	P	C	*	P	P	S	R	G	P	G	A	A	S
E	Q	V	E	D	L	A	D	L	R	L	D	D	R	G	L	Q	L
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
AAG	GAC	GTG	GAG	TAG	CTC	CCG	TAG	TTC	CGC	CTC	TAG	CAG	GGC	CGG	GTC	GAC	GTC
		441			450			459			468			477			486
TTC	CTG	CAC	CTC	ATC	GAG	GGC	ATC	AAG	GCG	GAG	ATC	GTC	CCG	GCC	CAG	CTG	CAG
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
F	L	H	L	I	E	G	I	K	A	E	I	V	P	A	Q	L	Q
S	C	T	S	S	R	A	S	R	R	R	S	S	R	P	S	C	R
P	A	P	H	R	G	H	Q	G	G	D	R	P	G	P	A	A	E
L	A	P	I	T	P	A	A	I	R	A	A	S	F	S	P	*	A
C	R	R	S	R	R	P	P	S	A	P	P	P	S	P	R	S	P

V	V	G	P	D	D	P	R	R	H	P	R	R	L	L	V	A	L
TTG	TTG	CGG	CCC	TAG	CAG	CCC	CGC	CGC	TAC	GCC	CGC	CGC	CTC	TTC	CTG	CCG	ATC
		495			504			513			522			531			540
AAC	AAC	GCC	GGG	ATC	GTC	GGG	GCG	GCG	ATG	CGG	GCG	GCG	GAG	AAG	GAC	GGC	TAG
N	N	A	G	I	V	G	A	A	M	R	A	A	E	K	D	G	*
T	T	P	G	S	S	G	R	R	C	G	R	R	R	R	T	A	R
Q	R	R	D	R	R	G	G	D	A	G	G	G	E	G	R	L	G
G	R	R	R	P	S	G	S	S	L	A	Q	R	R	D	G	P	G
G	A	V	G	P	H	D	L	R	C	P	R	A	A	T	V	Q	V
G	R	S	A	P	T	I	W	V	V	P	G	P	P	P	*	R	S
CGG	GGC	GCT	GCG	GCC	CCA	CTA	GGT	CTG	CTG	TCC	CGG	ACC	GCC	GCC	AGT	GGA	CCT
		549			558			567			576			585			594
GCC	CCG	CGA	CGC	CGG	GGT	GAT	CCA	GAC	GAC	AGG	GCC	TGG	CGG	CGG	TCA	CCT	GGA
A	P	R	R	R	G	D	P	D	D	R	A	W	R	R	S	P	G
P	R	D	A	G	V	I	Q	T	T	G	P	G	G	G	H	L	D
P	A	T	P	G	*	S	R	R	Q	G	L	A	A	V	T	W	T
A	A	P	R	P	G	A	P	W	C	G	S	R	G	H	P	*	S
P	P	P	G	R	G	Q	P	G	A	A	P	D	E	T	R	D	R
R	R	R	A	A	A	R	R	A	L	L	R	I	K	R	A	T	V
GGC	CGC	CGC	CCG	GCG	CCG	GGA	CGC	CCG	GTC	GTC	GGC	CTA	GAA	GGC	ACG	CCA	GTG
		603			612			621			630			639			648
CCG	GCG	GCG	GGC	CGC	GGC	CCT	GCG	GGC	CAG	CAG	CCG	GAT	CTT	CCG	TGC	GGT	CAC
P	A	A	G	R	G	P	A	G	Q	Q	P	D	L	P	C	G	H
R	R	R	A	A	A	L	R	A	S	S	R	I	F	R	A	V	T
G	G	G	P	R	P	C	G	P	A	A	G	S	S	V	R	S	R
S	V	P	S	*	R	G	E	T	C	G	G	P	R	P	P	S	P
H	S	R	R	D	A	D	R	R	V	A	V	R	G	P	H	R	P
I	L	G	A	I	L	T	G	G	Y	L	W	G	A	Q	T	A	L
CTA	CTC	TGG	CCG	CTA	GTC	GCA	GGG	AGG	CAT	GTC	GGT	GGG	CCG	GAC	CCA	CCG	CTC
		657			666			675			684			693			702
GAT	GAG	ACC	GGC	GAT	CAG	CGT	CCC	TCC	GTA	CAG	CCA	CCC	GGC	CTG	GGT	GGC	GAG
D	E	T	G	D	Q	R	P	S	V	Q	P	P	G	L	G	G	E
M	R	P	A	I	S	V	P	P	Y	S	H	P	A	W	V	A	R
*	D	R	R	S	A	S	L	R	T	A	T	R	P	G	W	R	G
P	S	S	G	W	*	T	D	A	S	G	G	A	A	T	P	W	R
R	H	L	A	G	D	P	T	R	R	D	G	R	R	Q	R	G	G
A	T	F	L	G	M	L	H	G	G	I	G	G	G	S	D	A	V
CCG	CCA	CTT	CTC	GGG	GTA	GTC	CAC	AGG	CGG	CTA	GGG	GGG	CGG	CGA	CAG	CCG	GTG
		711			720			729			738			747			756
GGC	GGT	GAA	GAG	CCC	CAT	CAG	GTG	TCC	GCC	GAT	CCC	CCC	GCC	GCT	GTC	GGC	CAC
G	G	E	E	P	H	Q	V	S	A	D	P	P	A	A	V	G	H
A	V	K	S	P	I	R	C	P	P	I	P	P	P	L	S	A	T
R	*	R	A	P	S	G	V	R	R	S	P	R	R	C	R	P	P

C	W	G	W	P	S	P	S	R	Y	W	W	R	R	P	R	W	T
A	G	A	G	R	R	L	R	D	T	G	G	G	A	R	D	G	P
P	V	L	G	V	A	F	A	I	P	V	V	V	P	A	T	A	L

GCC	GTG	GTC	GGG	GTG	CCG	CTT	CCG	CTA	GCC	ATG	GTG	GTG	GCC	GCG	CCA	GCG	GTC
		765				774			783			792		801			810
CGG	CAC	CAG	CCC	CAC	GGC	GAA	GGC	GAT	CGG	TAC	CAC	CAC	CGG	GCG	GGT	GCG	CAG

R	H	Q	P	H	G	E	G	D	R	Y	H	H	R	R	G	R	Q
G	T	S	P	T	A	K	A	I	G	T	T	T	G	A	V	A	R
A	P	A	P	R	R	R	R	S	V	P	P	P	A	R	S	P	G

A	G	A	C	G	C	R	R	*	S	A	C	P	C	S	C	C	A
R	G	Q	A	G	V	G	G	D	P	R	V	R	A	P	V	A	R
D	G	R	R	V	W	V	A	T	L	V	C	V	P	L	F	L	V

CAG	CGG	GGA	GCG	GTG	GGT	GTG	GCG	GCA	GTC	CTG	CGT	GTG	CCC	GTC	CTT	GTC	GTG
		819				828			837			846		855			864
GTC	GCC	CCT	GCG	CAC	CCA	CAC	GCG	CGT	CAG	GAC	GCA	CAC	GGG	CAG	GAA	CAG	CAC

V	A	P	A	H	P	H	R	R	Q	D	A	H	G	Q	E	Q	H
S	P	L	R	T	H	T	A	V	R	T	H	T	G	R	N	S	T
R	P	C	A	P	T	P	P	S	G	R	T	R	A	G	T	A	R

T	C	R	S	R	R	G	S	C	C	R	T	S	T	A	S	C	S
Q	V	A	H	A	V	V	R	V	A	A	L	R	P	L	R	A	P
S	Y	L	T	L	S	S	G	F	L	L	S	D	L	Y	G	L	L

CGA	CAT	GTC	GCA	CTC	GCT	GCT	GGG	CTT	GTC	GTC	GCT	CAG	CTC	CAT	CGG	CTC	GTC
		873				882			891			900		909			918
GCT	GTA	CAG	CGT	GAG	CGA	CGA	CCC	GAA	CAG	CAG	CGA	GTC	GAG	GTA	GCC	GAG	CAG

A	V	Q	R	E	R	R	P	E	Q	Q	R	V	E	V	A	E	Q
L	Y	S	V	S	D	D	P	N	S	S	E	S	R	*	P	S	R
C	T	A	*	A	T	T	R	T	A	A	S	R	G	S	R	A	G

C	*	P	A	A	S	C	A	A	A	W	G	P	*	G	P	T	P
A	D	R	R	R	L	V	P	R	R	G	A	R	D	A	P	P	Q
L	M	V	A	G	C	F	L	G	G	G	L	G	T	L	R	P	N

CTC	GTA	GTG	CCG	CGG	CGT	CTT	GTC	CGG	CGG	CGG	GTC	GGG	CCA	GTC	GGC	CCC	CAA
		927				936			945			954		963			972
GAG	CAT	CAC	GGC	GCC	GCA	GAA	CAG	GCC	GCC	GCC	CAG	CCC	GGT	CAG	CCG	GGG	GTT

E	H	H	G	A	A	E	Q	A	A	A	Q	P	G	Q	P	G	V
S	I	T	A	P	Q	N	R	P	P	P	S	P	V	S	R	G	L
A	S	R	R	R	R	T	G	R	R	P	A	R	S	A	G	G	W

F	G	A	C	P	R	P	R	P	P	R	G	P	A	G	Y	R	R
S	V	P	A	P	G	P	G	R	P	A	A	R	P	A	T	G	G
P	F	R	R	L	A	Q	A	A	P	P	P	G	P	R	R	V	A

CCC	TTT	GGC	GCG	GTC	CCG	GAC	CCG	GCG	CCC	CCC	GCC	GGG	CCC	GCG	GGC	ATG	GCG
		981				990			999			1008		1017			1026
GGG	AAA	CCG	GCG	CAG	GGC	CTG	GGC	GCG	GGG	GGG	CGG	CCC	GGG	GCG	CCG	TAC	GCG

G K P A Q G L G R G G R P G A P Y R
 G N R R R A W A A G G G P G R R T A
 E T G A G P G P R G A A R G A V P P

 P R R P R V P R V L A A S P S P G P
 R A V P G C P G Y W P P A P P R A P
 A P S P A A R A T G P R R Q P V P R

 GCG CCC GCT GCC CCG GCG TGC CCG GCA TGG TCC CGC CGC GAC CCC CTG CCC GGC
 1035 1044 1053 1062 1071 1080
 CGC GGG CGA CGG GGC CGC ACG GGC CGT ACC AGG GCG GCG CTG GGG GAC GGG CCG

 R G R R G R T G R T R A A L G D G P
 A G D G A A R A V P G R R W G T G R
 R A T G P H G P Y Q G G A G G R A G

 P A P P G P R S P P G P P G P P G A
 H L P R A P V A P R A Q L V P R A L
 T S R A P R S P Q A P R S S R A P W

 CCA CCT CGC CCG CCC GGC CCT GCC GAC CCG CCC GGA CCT CCT GGC CCG CCC GGT
 1089 1098 1107 1116 1125 1134
 GGT GGA GCG GGC GGG CCG GGA CGG CTG GGC GGG CCT GGA GGA CCG GGC GGG CCA

 G G A G G P G R L G G P G G P G G P
 V E R A G R D G W A G L E D R A G Q
 W S G R A G T A G R A W R T G R A S

 T G A R V A G A A R S V A T A A R R
 R G P G S R E R R A R F R R R R A G
 G D R G P G S G G R A F G G D G R A

 CGG CAG GGC CGG GCC TGG CGA GGG CGG CGC GCG CTT TGG CGG CAG CGG CGC GCG
 1143 1152 1161 1170 1179 1188
 GCC GTC CCG GCC CGG ACC GCT CCC GCC GCG CGC GAA ACC GCC GTC GCC GCG CGC

 A V P A R T A P A A R E T A V A A R
 P S R P G P L P P R A K P P S P R A
 R P G P D R S R R A R N R R R R A P

 V A G A Q F S D A G A E S C V T K V
 C R E R R S H T R E R R A A Y R R *
 A G S G G P I L G S G G R Q M G D E

 GCG TGG CGA GGG CGG ACC TTA CTC AGG CGA GGG CGG AGC GAC GTA TGG CAG AAG
 1197 1206 1215 1224 1233 1242
 CGC ACC GCT CCC GCC TGG AAT GAG TCC GCT CCC GCC TCG CTG CAT ACC GTC TTC

 R T A P A W N E S A P A S L H T V F
 A P L P P G M S P L P P R C I P S S
 H R S R L E * V R S R L A A Y R L H

 G G R V A A G A A L S V G G V G R R
 G A G C R R G R R S R C G A W G A G
 G R G A G G G G G R A V G R G G R A

 TGG GGC GGG GCG TGG CGG CGG GGG CGG CGC TCG CTG TGG GGC GGG TGG GGC GCG

1251				1260				1269				1278				1287				1296	
ACC	CCG	CCC	CGC	ACC	GCC	GCC	CCC	GCC	GCG	AGC	GAC	ACC	CCG	CCC	ACC	CCG	CGC				
T	P	P	R	T	A	A	P	A	A	S	D	T	P	P	T	P	R				
P	R	P	A	P	P	P	P	P	R	A	T	P	R	P	P	R	A				
P	A	P	H	R	R	P	R	R	E	R	H	P	A	H	P	A	P				
R	R	R	C	R	R	R	R	L	T	D	R	K	T	G	P	L	D				
G	A	V	A	V	A	D	A	Y	R	T	A	S	R	V	R	C	T				
A	Q	S	P	L	P	T	P	T	A	H	R	A	E	Y	G	A	P				
GCG	GAC	GCT	GCC	GTT	GCC	GCA	GCC	GCA	TCG	CAC	AGC	GCG	AAG	CAT	GGG	CCG	TCC				
1305				1314				1323				1332				1341				1350	
CGC	CTG	CGA	CGG	CAA	CGG	CGT	CGG	CGT	AGC	GTG	TCG	CGC	TTC	GTA	CCC	GGC	AGG				
R	L	R	R	Q	R	R	R	R	S	V	S	R	F	V	P	G	R				
A	C	D	G	N	G	V	G	V	A	C	R	A	S	Y	P	A	G				
P	A	T	A	T	A	S	A	*	R	V	A	L	R	T	R	Q	V				
R	G	T	H	S	W	Q	V	L	K	P	R	S	I	H	R	I	A				
A	D	Q	T	A	G	S	S	W	S	L	D	A	*	T	G	F	R				
R	T	R	H	P	E	V	P	G	V	*	T	P	K	H	A	S	D				
AGC	GCA	GGA	CAC	ACC	GAG	GTG	ACC	TGG	TTG	AAT	CCA	GCC	GAA	TAC	ACG	GCT	TAG				
1359				1368				1377				1386				1395				1404	
TCG	CGT	CCT	GTG	TGG	CTC	CAC	TGG	ACC	AAC	TTA	GGT	CGG	CTT	ATG	TGC	CGA	ATC				
S	R	P	V	W	L	H	W	T	N	L	G	R	L	M	C	R	I				
R	V	L	C	G	S	T	G	P	T	*	V	G	L	C	A	E	S				
A	S	C	V	A	P	L	D	Q	L	R	S	A	Y	V	P	N	R				
W	*	V	R	R	P	A	S	R	P	W	T	N	S	V	A	G	P				
G	D	S	V	G	H	P	P	G	Q	G	H	T	R	Y	P	V	P				
G	M	L	C	A	T	P	R	V	K	A	M	H	E	I	R	C	R				
CGG	GTA	GTC	TGT	GCG	GCA	CCC	CGC	CTG	GAA	CCG	GTA	CAC	AAG	CTA	TGC	CGT	GGC				
1413				1422				1431				1440				1449				1458	
GCC	CAT	CAG	ACA	CGC	CGT	GGG	GCG	GAC	CTT	GGC	CAT	GTG	TTC	GAT	ACG	GCA	CCG				
A	H	Q	T	R	R	G	A	D	L	G	H	V	F	D	T	A	P				
P	I	R	H	A	V	G	R	T	L	A	M	C	S	I	R	H	R				
P	S	D	T	P	W	G	G	P	W	P	C	V	R	Y	G	T	G				
G	P	G	A	R	R	L	S	T	S	R	G	T	R	R	C	*	R				
A	P	D	P	V	G	Y	V	P	P	D	A	R	A	D	A	D	D				
P	R	T	R	C	A	T	S	Q	H	I	P	G	H	T	Q	M	M				
CCC	GGC	CCA	GGC	CGT	GCG	GCA	TCT	GAC	CAC	CTA	GCC	GGG	CAC	GCA	GAC	GTA	GTA				
1467				1476				1485				1494				1503				1512	
GGG	CCG	GGT	CCG	GCA	CGC	CGT	AGA	CTG	GTG	GAT	CGG	CCC	GTG	CGT	CTG	CAT	CAT				
G	P	G	P	A	R	R	R	L	V	D	R	P	V	R	L	H	H				
G	R	V	R	H	A	V	D	W	W	I	G	P	C	V	C	I	I				
A	G	S	G	T	P	*	T	G	G	S	A	R	A	S	A	S	S				
C	R	L	D	F	F	S	R	A	G	A	W	G	A	R	F	D	E				
A	G	F	I	S	S	P	G	P	G	L	G	A	L	G	S	T	R				

Q	V	S	S	R	L	L	V	P	G	W	G	L	W	G	Q	L	G

GAC	GTG	GCT	TCT	AGC	TTC	TTC	CTG	GCC	CGG	GGT	CGG	GTC	GGT	CGG	GAC	TTC	AGG
		1521			1530			1539			1548			1557			
CTG	CAC	CGA	AGA	TCG	AAG	AAG	GAC	CGG	GCC	CCA	GCC	CAG	CCA	GCC	CTG	AAG	TCC

L	H	R	R	S	K	K	D	R	A	P	A	Q	P	A	L	K	S
C	T	E	D	R	R	R	T	G	P	Q	P	S	Q	P	*	S	P
A	P	K	I	E	E	G	P	G	P	S	P	A	S	P	E	V	L
*	T	R	S	T	A	V	H	R	E	R	D	S	D	D	T	Q	R
E	R	V	P	L	R	L	T	D	S	V	I	P	I	T	P	R	G
R	V	Y	P	F	D	C	R	T	A	*	S	R	F	R	R	D	A

AGA	GTG	CAT	GCC	CTT	CAG	CGT	TGC	ACA	GCG	AGT	GCT	AGC	CTT	AGC	AGC	CAG	ACG
		1575			1584			1593			1602			1611			
TCT	CAC	GTA	CGG	GAA	GTC	GCA	ACG	TGT	CGC	TCA	CGA	TCG	GAA	TCG	TCG	GTC	TGC

S	H	V	R	E	V	A	T	C	R	S	R	S	E	S	S	V	C
L	T	Y	G	K	S	Q	R	V	A	H	D	R	N	R	R	S	A
S	R	T	G	S	R	N	V	S	L	T	I	G	I	V	G	L	P

I	D	A	L	R	G	Q	E	V	G	Q	G	L	V	V	H	Q	R
F	T	P	L	D	V	R	N	L	A	R	V	L	F	S	T	S	A
S	H	R	C	T	S	G	T	*	R	G	S	W	S	R	R	A	P

GCT	TAC	AGC	CGT	TCA	GCT	GGG	ACA	AGT	TGC	GGG	ACT	GGT	TCT	TGC	TGC	ACG	ACC
		1629			1638			1647			1656			1665			
CGA	ATG	TCG	GCA	AGT	CGA	CCC	TGT	TCA	ACG	CCC	TGA	CCA	AGA	ACG	ACG	TGC	TGG

R	M	S	A	S	R	P	C	S	T	P	*	P	R	T	T	C	W
E	C	R	Q	V	D	P	V	Q	R	P	D	Q	E	R	R	A	G
N	V	G	K	S	T	L	F	N	A	L	T	K	N	D	V	L	A
G	V	V	R	E	G	R	D	L	G	V	D	T	D	H	A	D	G
A	L	*	G	N	A	V	I	S	G	L	T	P	T	T	P	T	G
P	W	S	G	T	R	W	S	R	A	W	R	R	H	R	P	R	G

GCC	GGT	TGA	TGG	GCA	AGC	GGT	GCT	AGC	TCG	GGT	TGC	AGC	CAC	AGC	ACC	CGC	AGG
		1683			1692			1701			1710			1719			
CGG	CCA	ACT	ACC	CGT	TCG	CCA	CGA	TCG	AGC	CCA	ACG	TCG	GTG	TCG	TGG	GCG	TCC

R	P	T	T	R	S	P	R	S	S	P	T	S	V	S	W	A	S
G	Q	L	P	V	R	H	D	R	A	Q	R	R	C	R	G	R	P
A	N	Y	P	F	A	T	I	E	P	N	V	G	V	V	G	V	P
V	C	A	E	G	L	Q	G	L	D	E	G	G	L	A	D	E	R
S	A	R	R	V	L	N	A	S	I	K	E	E	W	R	M	R	G
R	R	V	G	*	W	T	P	R	S	R	R	R	G	A	C	G	G

GGC	TGC	GTG	CGG	AGT	GGT	TCA	ACC	GGC	TCT	AGA	AGA	GGA	GGG	TCG	CGT	AGG	AGG
		1737			1746			1755			1764			1773			
CCG	ACG	CAC	GCC	TCA	CCA	AGT	TGG	CCG	AGA	TCT	TCT	CCT	CCC	AGC	GCA	TCC	TCC

P	T	H	A	S	P	S	W	P	R	S	S	P	P	S	A	S	S
R	R	T	P	H	Q	V	G	R	D	L	L	L	P	A	H	P	P
D	A	R	L	T	K	L	A	E	I	F	S	S	Q	R	I	L	P

X1

R G D V E D V D G A D H A A G G L P
A V T S K T S M A P M T R P A E S P
P S R R S R R C R R C R A R R R R P

GCC GCT GGC AGC TGA AGC AGC TGT AGC GGC CGT AGC ACG CGC CGC GGA GGC TCC
1791 1800 1809 1818 1827 1836
CGG CGA CCG TCG ACT TCG TCG ACA TCG CCG GCA TCG TGC GCG GCG CCT CCG AGG

R R P S T S S T S P A S C A A P P R
G D R R L R R H R R H R A R R L R G
A T V D F V D I A G I V R G A S E G

L A Q A V L E E R V D T L G V R D A
S P R P L L N R A F M R S D S A I Q
P P G P C C T G R S C G H T R R S R

CCC TCC CGG ACC CGT TGT TCA AGG AGC GCT TGT AGG CAC TCA GGC TGC GCT AGA
1845 1854 1863 1872 1881 1890
GGG AGG GCC TGG GCA ACA AGT TCC TCG CGA ACA TCC GTG AGT CCG ACG CGA TCT

G R A W A T S S S R T S V S P T R S
G G P G Q Q V P R E H P * V R R D L
E G L G N K F L A N I R E S D A I C

L D D A G E L V L V D D M D V A L D
W T M R A K L S S F T T W T S P L T
G P * G R R * P R S R R G H R R C P

CGG TCC AGT AGG CGC GGA AGT TCC TGC TCT TGC AGC AGG TAC AGC TGC CGT TCC
1899 1908 1917 1926 1935 1944
GCC AGG TCA TCC GCG CCT TCA AGG ACG AGA ACG TCG TCC ATG TCG ACG GCA AGG

A R S S A P S R T R T S S M S T A R
P G H P R L Q G R E R R P C R R Q G
Q V I R A F K D E N V V H V D G K V

R G L V V D L R D V G L Q D E R V E
E G L S S M S V I L V S S I R A S R
R A W P R C R S S * C R A S G R P G

AGA GCG GGT TCC TGC TGT AGC TCT GCT AGT TGT GGC TCG ACT AGG AGC GCC TGG
1953 1962 1971 1980 1989 1998
TCT CGC CCA AGG ACG ACA TCG AGA CGA TCA ACA CCG AGC TGA TCC TCG CGG ACC

S R P R T T S R R S T P S * S S R T
L A Q G R H R D D Q H R A D P R G P
S P K D D I E T I N T E L I L A D L

L R D L L D Q G A E L L V R P D L L
W V I S F T R G R R W F S E R I L F
G S S R S P G A G G G S P S A S * S

AGG TCT GCT AGC TCT TCC AGG ACG GGC CGG AGG TCT TCC TGA GCG CCT AGT TCT
2007 2016 2025 2034 2043 2052
TCC AGA CGA TCG AGA AGG TCC TGC CCC GCC TCC AGA AGG ACT CGC GGA TCA AGA

S R R S R R S C P A S R R T R G S R
 P D D R E G P A P P P E G L A D Q E
 Q T I E K V L P R L Q K D S R I K K

 V E R R L H L G D L L G L L D Q L P
 S R A G F T F A T S S A L S I R S L
 P G R A S P S P R R P P W P S G P S

 TCC TGG AGC GCG GCT TCC ACT TCC GGC AGC TCC TCC GGT TCC TCT AGG ACC TCT
 2061 2070 2079 2088 2097 2106
 AGG ACC TCG CGC CGA AGG TGA AGG CCG TCG AGG AGG CCA AGG AGA TCC TGG AGA

 R T S R R R * R P S R R P R R S W R
 G P R A E G E G R R G G Q G D P G E
 D L A P K V K A V E E A K E I L E R

 A V G E E G V A D D L A G L A V L E
 P S V R K A W P M T W P V S R L S S
 P R C G R R G R C R G P C R A C R A

 CCC CGC TGT GGG AGA AGC GGG TGC CGT AGC AGG TCC CGT GGC TCG CGT TGC TCG
 2115 2124 2133 2142 2151 2160
 GGG GCG ACA CCC TCT TCG CCC ACG GCA TCG TCC AGG GCA CCG AGC GCA ACG AGC

 G A T P S S P T A S S R A P S A T S
 G R H P L R P R H R P G H R A Q R A
 G D T L F A H G I V Q G T E R N E L

 Q V V Q V Q E G G L G E E V D E V D
 R C S R C R S V V L G K R * T K L T
 G A R G A G A * W W A R G R R R * R

 AGG ACG TGC TGG ACG TGG ACG AGT GGT GGT TCG GGA AGG AGA TGC AGA AGT TGC
 2169 2178 2187 2196 2205 2214
 TCC TGC ACG ACC TGC ACC TGC TCA CCA CCA AGC CCT TCC TCT ACG TCT TCA ACG

 S C T T C T C S P P S P S S T S S T
 P A R P A P A H H Q A L P L R L Q R
 L H D L H L L T T K P F L Y V F N V

 V L V L Q D V L V E L V L L A G Q D
 S S S S S I S S S K L F S C R A R T
 R R P R A S R R P S * S R A A R G P

 AGC TGC TCC TGC TCG ACT AGC TGC TCC TGA AGT TCT TGC TCG TCG CGC GGG ACC
 2223 2232 2241 2250 2259 2268
 TCG ACG AGG ACG AGC TGA TCG ACG AGG ACT TCA AGA ACG AGC AGC GCG CCC TGG

 S T R T S * S T R T S R T S S A P W
 R R G R A D R R G L Q E R A A R P G
 D E D E L I D E D F K N E Q R A L V

 G G G L G D E E V G L Q L G V E G L
 A G A S A M K R L A L S S A S R A S
 R G R R P W R G * R W A P P R G R R

 AGC GGG GGC GGC TCC GGT AGA AGG AGT TGC GGT TCG ACC TCC GGC TGG AGC GGC

2277				2286				2295				2304				2313				2322			
TCG	CCC	CCG	CCG	AGG	CCA	TCT	TCC	TCA	ACG	CCA	AGC	TGG	AGG	CCG	ACC	TCG	CCG						
S	P	P	P	R	P	S	S	S	T	P	S	W	R	P	T	S	P						
R	P	R	R	G	H	L	P	Q	R	Q	A	G	G	R	P	R	R						
A	P	A	E	A	I	F	L	N	A	K	L	E	A	D	L	A	E						
E	V	V	V	L	G	E	F	E	E	L	G	D	A	L	V	L	G						
S	S	S	S	S	A	R	S	S	R	W	D	T	P	W	S	S	G						
A	R	R	R	R	P	G	R	V	G	G	T	R	R	G	P	R	A						
TCG	AGC	TGC	TGC	TGC	TCC	GGG	AGC	TTG	AGG	AGG	TCA	GGC	AGC	CGG	TCC	TGC	TCG						
2331				2340				2349				2358				2367				2376			
AGC	TCG	ACG	ACG	ACG	AGG	CCC	TCG	AAC	TCC	TCC	AGT	CCG	TCG	GCC	AGG	ACG	AGC						
S	S	T	T	T	R	P	S	N	S	S	S	P	S	A	R	T	S						
A	R	R	R	R	G	P	R	T	P	P	V	R	R	P	G	R	A						
L	D	D	D	E	A	L	E	L	L	Q	S	V	G	Q	D	E	P						
A	E	G	G	E	G	A	D	A	E	V	G	E	A	Q	L	G	V						
P	R	A	V	R	A	R	T	P	K	L	V	R	P	R	C	V	*						
R	G	R	W	G	R	G	R	R	S	*	C	G	R	G	A	S	R						
GGC	CGG	AGC	GGT	GGG	AGC	GGG	CGC	AGC	CGA	AGT	TGT	GGG	AGC	CGG	ACG	TCT	GGA						
2385				2394				2403				2412				2421				2430			
CCG	GCC	TCG	CCA	CCC	TCG	CCC	GCG	TCG	GCT	TCA	ACA	CCC	TCG	GCC	TGC	AGA	CCT						
P	A	S	P	P	S	P	A	S	A	S	T	P	S	A	C	R	P						
R	P	R	H	P	R	P	R	R	L	Q	H	P	R	P	A	D	L						
G	L	A	T	L	A	R	V	G	F	N	T	L	G	L	Q	T	Y						
Q	R	G	A	R	L	F	G	A	G	P	G	D	L	L	A	G	G						
R	V	A	P	G	F	S	D	R	A	Q	V	M	L	F	P	A	V						
G	S	P	R	G	S	P	I	G	R	R	S	W	*	S	P	R	W						
TGG	ACT	GCC	GGC	CGG	GCT	TCC	TTA	GGG	CGC	GGA	CCT	GGT	AGT	TCT	TCC	CGC	GGT						
2439				2448				2457				2466				2475				2484			
ACC	TGA	CGG	CCG	GCC	CGA	AGG	AAT	CCC	GCG	CCT	GGA	CCA	TCA	AGA	AGG	GCG	CCA						
T	*	R	P	A	R	R	N	P	A	P	G	P	S	R	R	A	P						
P	D	G	R	P	E	G	I	P	R	L	D	H	Q	E	G	R	H						
L	T	A	G	P	K	E	S	R	A	W	T	I	K	K	G	A	T						
G	G	L	G	G	A	D	D	V	G	V	E	L	L	A	E	D	L						
A	G	S	A	A	P	T	M	W	V	S	K	W	F	P	K	M	L						
R	G	R	P	R	R	R	*	G	C	R	S	G	S	P	S	*	*						
GGC	GGG	GGC	TCC	GGC	GGC	CGC	AGT	AGG	TGT	GGC	TGA	AGG	TCT	TCC	CGA	AGT	AGT						
2493				2502				2511				2520				2529				2538			
CCG	CCC	CCG	AGG	CCG	CCG	GCG	TCA	TCC	ACA	CCG	ACT	TCC	AGA	AGG	GCT	TCA	TCA						
P	P	P	R	P	P	A	S	S	T	P	T	S	R	R	A	S	S						
R	P	R	G	R	R	R	H	P	H	R	L	P	E	G	L	H	Q						
A	P	E	A	A	G	V	I	H	T	D	F	Q	K	G	F	I	K						
R	L	D	D	G	E	G	V	Q	H	L	G	A	G	D	G	L	G						
A	S	T	M	E	K	V	S	R	T	S	V	P	E	T	A	S	A						

P	P	P	*	R	R	*	R	G	P	P	S	R	S	R	R	R	P
TCC	GCC	TCC	AGT	AGA	GGA	AGT	GGC	TGG	ACC	ACC	TCT	GGC	CGA	GGC	AGC	GGC	TCC
	2547				2556			2565			2574			2583			2592
AGG	CGG	AGG	TCA	TCT	CCT	TCA	CCG	ACC	TGG	TGG	AGA	CCG	GCT	CCG	TCG	CCG	AGG
R	R	R	S	S	P	S	P	T	W	W	R	P	A	P	S	P	R
G	G	G	H	L	L	H	R	P	G	G	D	R	L	R	R	R	G
A	E	V	I	S	F	T	D	L	V	E	T	G	S	V	A	E	A
A	R	L	P	L	R	T	H	L	A	L	V	I	H	H	L	V	P
R	A	F	P	F	A	R	I	S	P	L	S	*	T	I	C	S	P
G	R	S	P	S	P	A	Y	P	P	C	P	S	H	S	A	P	R
GGG	CGC	GCT	TCC	CCT	TCC	GCG	CAT	ACC	TCC	CGT	TCC	TGA	TAC	ACT	ACG	TCC	TGC
	2601				2610			2619			2628			2637			2646
CCC	GCG	CGA	AGG	GGA	AGG	GCG	GTA	TGG	AGG	GCA	AGG	ACT	ATG	TGA	TGC	AGG	ACG
P	A	R	R	G	R	R	V	W	R	A	R	T	M	*	C	R	T
P	R	E	G	E	G	A	Y	G	G	Q	G	L	C	D	A	G	R
R	A	K	G	K	A	R	M	E	G	K	D	Y	V	M	Q	D	G
V	H	D	L	E	A	E	V	H	L	R	L	E	V	V	V	S	S
S	T	T	S	N	R	K	L	T	Y	A	C	N	W	W	S	A	A
P	R	P	R	T	G	S	*	R	T	P	A	I	G	G	R	R	Q
CCC	TGC	ACC	AGC	TCA	AGG	CGA	AGT	TGC	ACA	TCC	GCG	TTA	AGG	TGG	TGC	TGC	GAC
	2655				2664			2673			2682			2691			2700
GGG	ACG	TGG	TCG	AGT	TCC	GCT	TCA	ACG	TGT	AGG	CGC	AAT	TCC	ACC	ACG	ACG	CTG
G	T	W	S	S	S	A	S	T	C	R	R	N	S	T	T	T	L
G	R	G	R	V	P	L	Q	R	V	G	A	I	P	P	R	R	C
D	V	V	E	F	R	F	N	V	*	A	Q	F	H	H	D	A	A
E	F	A	C	T	L	L	P	R	S	R	W	P	A	A	G	Q	Q
K	L	R	A	P	*	F	P	D	V	G	G	P	P	P	G	K	S
K	*	V	R	L	D	S	P	T	S	E	E	L	P	R	G	R	A
GAA	AGT	TTG	CGC	GTC	CAG	TCT	TCC	CCA	GCT	GAG	GAG	GTC	CCC	CGC	CGG	GGA	ACG
	2709				2718			2727			2736			2745			2754
CTT	TCA	AAC	GCG	CAG	GTC	AGA	AGG	GGT	CGA	CTC	CTC	CAG	GGG	GCG	GCC	CCT	TGC
L	S	N	A	Q	V	R	R	G	R	L	L	Q	G	A	A	P	C
F	Q	T	R	R	S	E	G	V	D	S	S	R	G	R	P	L	A
F	K	R	A	G	Q	K	G	S	T	P	P	G	G	G	P	L	L
K	G	H	Q	S	P	A	P	F	A	S	*	G	D	T	K	A	R
N	G	T	S	P	H	H	Q	S	L	Q	D	D	M	L	R	Q	G
T	E	R	A	P	I	T	S	P	F	S	I	M	W	*	D	K	G
ACA	AAG	GGC	ACG	ACC	CTA	CCA	CGA	CCC	TTT	CGA	CTA	GTA	GGT	AGT	CAG	AAA	CGG
	2763				2772			2781			2790			2799			2808
TGT	TTC	CCG	TGC	TGG	GAT	GGT	GCT	GGG	AAA	GCT	GAT	CAT	CCA	TCA	GTC	TTT	GCC
C	F	P	C	W	D	G	A	G	K	A	D	H	P	S	V	F	A
V	S	R	A	G	M	V	L	G	K	L	I	I	H	Q	S	L	P
F	P	V	L	G	W	C	W	E	S	*	S	S	I	S	L	C	P

G S S T L L P V N N P V V Q P F P D
 A P P H * S H Y T I L Y W K L S P T
 Q R L I D L T T R * * T G S S P L P

 GAC GGC CTC CTA CAG TTC TCA CCA TGC AAT AAT CCA TGG TGA ACT CCC TTC CCC
 2817 2826 2835 2844 2853 2862
 CTG CCG GAG GAT GTC AAG AGT GGT ACG TTA TTA GGT ACC ACT TGA GGG AAG GGG

 L P E D V K S G T L L G T T * G K G
 C R R M S R V V R Y * V P L E G R G
 A G G C Q E W Y V I R Y H L R E G V

 F * T S L G R A F G C P E R E A S *
 S D H R Y V A L S A A L S E K R Q D
 R I M D I F R S R L R L A R K G S I

 AGC TTA GTA CAG CTA TTT GGC GCT CGC TTC GGC GTT CCG AGA GAA AGG CGA CTA
 2871 2880 2889 2898 2907 2916
 TCG AAT CAT GTC GAT AAA CCG CGA GCG AAG CCG CAA GGC TCT CTT TCC GCT GAT

 S N H V D K P R A K P Q G S L S A D
 R I (M) S I N R E R S R K A L F P L I X2
 E S C R * T A S E A A R L S F R * S

 S P * R C D R P W R S R R W A R C R
 L L D V V I V L G D L D D G L V A V
 L F T L S L * S A M S I T E L C P L

 GTT CTT CCA GTT GCT GTT AGT GCT CCG GTA GCT CTA GCA GAG GTT CGT GCC GTT
 2925 2934 2943 2952 2961 2970
 CAA GAA GGT CAA CGA CAA TCA CGA GGC CAT CGA GAT CGT CTC CAA GCA CGG CAA

 Q E G Q R Q S R G H R D R L Q A R Q
 K K V N D N H E A I E I V S K H G N
 R R S T T I T R P S R S S P S T A T

 R V R R P R P N H L A A R P S T G A
 G Y E D R G L I I C R Q A L A R V Q
 A T S T E A S S * A A S R S P E Y R

 GCG GCA TGA GCA GAG CCG GCT CCT AAT ACG TCG CGA CGC GCT CCC GAG CAT GGA
 2979 2988 2997 3006 3015 3024
 CGC CGT ACT CGT CTC GGC CGA GGA TTA TGC AGC GCT GCG CGA GGG CTC GTA CCT

 R R T R L G R G L C S A A R G L V P
 A V L V S A E D Y A A L R E G S Y L
 P Y S S R P R I M Q R C A R A R T C

 A S E P S R G D V A * P T R S R G Q
 Q A R R R V G T S Q E L R V L V G K
 S R E G A F A R R S S L A Y S F A R

 CGA CGC GAG AGG CCG CTT GCG GGC AGC TGA CGA GTT CCG CAT GCT CTT GCG GGA
 3033 3042 3051 3060 3069 3078
 GCT GCG CTC TCC GGC GAA CGC CCG TCG ACT GCT CAA GGC GTA CGA GAA CGC CCT

A A L S G E R P S T A Q G V R E R P
 L R S P A N A R R L L K A Y E N A L
 C A L R R T P V D C S R R T R T P L
 G R * H T P A P A S R D P N P P R Q
 G V D I H R L P L Q D I R I R R V S
 A W T L T D S R S S I S G S E A S A

 ACG GGT GCA GTT ACA CAG CCT CGC CCT CGA CTA GCT AGG CCT AAG CCG CCT GCG
 3087 3096 3105 3114 3123 3132
 TGC CCA CGT CAA TGT GTC GGA GCG GGA GCT GAT CGA TCC GGA TTC GGC GGA CGC

 C P R Q C V G A G A D R S G F G G R
 A H V N V S E R E L I D P D S A D A
 P T S M C R S G S * S I R I R R T L
 N P H R T L S T K S S * P Q S S * V
 T R T G R S A Q R R P D P S P H S C
 P E P A A H P K D E L I L A P I V V

 ACC AAG CCC ACG GCG CAC TCC GAA CAG AAG CTC CTA GTC CCG ACC CTA CTG ATG
 3141 3150 3159 3168 3177 3186
 TGG TTC GGG TGC CGC GTG AGG CTT GTC TTC GAG GAT CAG GGC TGG GAT GAC TAC

 W F G C R (V) R L V F E D Q G W D D Y X3
 G S G A A * G L S S R I R A G M T T
 V R V P R E A C L R G S G L G * L H
 D Q S L F S R L I S A R M L L S M S
 T R A * S R G C S A R G C * C A * R
 R G P E L V V A L H E G A D V L E D

 TGC AGG ACC GAG TTC TTG CTG GCG TTC TAC GAG CGG GCG TAG TTG TTC GAG TAG
 3195 3204 3213 3222 3231 3240
 ACG TCC TGG CTC AAG AAC GAC CGC AAG ATG CTC GCC CGC ATC AAC AAG CTC ATC

 T S W L K N D R K M L A R I N K L I
 R P G S R T T A R C S P A S T S S S
 V L A Q E R P Q D A R P H Q Q A H R
 S T L R S G K V P I P L G S G S F Y
 P R * A R G R * P S R C V R A A S T
 L V D P A V G E R P D A F G L R Q L

 CTC CTG CAG TCC GCG CTG GGG AAG TGC CCC TAG CCG TTT GGG CTC GGC GAC TTC
 3249 3258 3267 3276 3285 3294
 GAG GAC GTC AGG CGC GAC CCC TTC ACG GGG ATC GGC AAA CCC GAG CCG CTG AAG

 E D V R R D P F T G I G K P E P L K
 R T S G A T P S R G S A N P S R * S
 G R Q A R P L H G D R Q T R A A E V
 W K G P A H D R R I S S S C R R T Y
 G S A P P T T A A S R R R V G G R T
 V V Q R P R P R P P D V V F V A E H

 ATG GTG AAC GGC CCC CGC ACC AGC GCC GCC TAG CTG CTG CTT GTG GCG GAG CAC

3303	3312	3321	3330	3339	3348
TAC CAC TTG CCG GGG GCG TGG TCG CGG CGG ATC GAC GAC GAA CAC CGC CTC GTG					
Y H L P G A W S R R I D D E H R L V					
T T C R G R G R G S T T N T A S C					
P L A G G V V A A D R R R T P P R V					
R T V S L S I T I R A A R Y W * Q S					
G P * P C P S R S G R Q G T G S S V					
V Q N R V L L D H D E S G P V V V S					
ATG GAC CAA TGC CTG TTC CTC TAG CAC TAG GAG CGA CGG GCC ATG GTG ATG ACT					
3357 3366 3375 3384 3393 3402					
TAC CTG GTT ACG GAC AAG GAG ATC GTG ATC CTC GCT GCC CGG TAC CAC TAC TGA					
Y L V T D K E I V I L A A R Y H Y *					
T W L R T R R S * S S L P G T T T D					
P G Y G Q G D R D P R C P V P L L T					
G L H D E R A P I T S P H A G R V R					
A W T T R G H Q S P A P I P G E F G					
Q G P P G G T S P H H Q S P G R S G					
GAC GGG TCC ACC AGG AGG GCA CGA CCC TAC CAC GAC CCT ACC CGG GGA GCT TGG					
3411 3420 3429 3438 3447 3456					
CTG CCC AGG TGG TCC TCC CGT GCT GGG ATG GTG CTG GGA TGG GCC CCT CGA ACC					
L P R W S S R A G M V L G W A P R T					
C P G G P P V L G W C W D G P L E P					
A Q V V L P C W D G A G M G P S N P					
H K R L H S S Q L * H E A E V N L R					
I N G C T P A R Y N I N R K L T * A					
S T E A P P L E T T L T G S * R K P					
GCT ACA AAG GCG TCC ACC CTC GAG ACA TCA ATT ACA AGG CGA AGT TGC AAA TCC					
3465 3474 3483 3492 3501 3510					
CGA TGT TTC CGC AGG TGG GAG CTC TGT AGT TAA TGT TCC GCT TCA ACG TTT AGG					
R C F R R W E L C S * C S A S T F R					
D V S A G G S S V V N V P L Q R L G					
M F P Q V G A L * L M F R F N V * A					
L D V V D D Q Q I R L D S P D S E D					
C I W W T T K N F A C T L P T R S M					
A S G G R R R T S H A P * L P G V *					
GCG TCT AGG TGG TGC AGC AGA ACA ACT TAC GCG TCC AGT CTC CCC AGG CTG AGT					
3519 3528 3537 3546 3555 3564					
CGC AGA TCC ACC ACG TCG TCT TGT TGA ATG CGC AGG TCA GAG GGG TCC GAC TCA					
R R S T T S S C * M R R S E G S D S					
A D P P R R L V E C A G Q R G P T H					
Q I H H V V L L N A Q V R G V R L I					
S D P G Q S K G T G G A S Q S N S L					
P T P G R A R E R A E P L S P T A *					

R	L	R	A	G	P	E	K	G	H	R	R	C	V	P	L	Q	E
AGC	CTC	AGC	CCG	GGG	ACC	GAG	AAA	GGG	CAC	GGA	GGC	CGT	CTG	ACC	CTC	AAC	GAG
	3573			3582			3591		3600		3609		3618				
TCG	GAG	TCG	GGC	CCC	TGG	CTC	TTT	CCC	GTG	CCT	CCG	GCA	GAC	TGG	GAG	TTG	CTC
S	E	S	G	P	W	L	F	P	V	P	P	A	D	W	E	L	L
R	S	R	A	P	G	S	F	P	C	L	R	Q	T	G	S	C	S
G	V	G	P	L	A	L	S	R	A	S	G	R	L	G	V	A	Q
*	*	R	G	I	P	C	Y	P	G	T	W	L	A	L	A	S	W
D	D	G	A	S	R	A	T	P	G	Q	G	S	R	W	R	P	G
T	M	V	Q	R	D	P	L	L	A	R	D	L	A	G	A	R	V
TCA	GTA	GTG	GAC	GGC	TAG	CCC	GTC	ATC	CCG	GGA	CAG	GTC	TCG	CGG	TCG	CGC	CTG
	3627			3636			3645		3654		3663		3672				
AGT	CAT	CAC	CTG	CCG	ATC	GGG	CAG	TAG	GGC	CCT	GTC	CAG	AGC	GCC	AGC	GCG	GAC
S	H	H	L	P	I	G	Q	*	G	P	V	Q	S	A	S	A	D
V	I	T	C	R	S	G	S	R	A	L	S	R	A	P	A	R	T
S	S	P	A	D	R	A	V	G	P	C	P	E	R	Q	R	G	P
N	S	P	I	M	Q	R	D	T	G	T	L	I	E	A	D	A	H
T	P	L	S	*	R	A	T	R	V	P	S	S	R	P	T	P	T
L	Q	F	P	D	D	P	P	G	Y	R	H	P	D	R	R	R	R
GTC	AAC	CTT	CCC	TAG	TAG	ACC	GCC	AGG	CAT	GGC	CAC	TCC	TAG	AGC	CGC	AGC	CGC
	3681			3690			3699		3708		3717		3726				
CAG	TTG	GAA	GGG	ATC	ATC	TGG	CGG	TCC	GTA	CCG	GTG	AGG	ATC	TCG	GCG	TCG	GCG
Q	L	E	G	I	I	W	R	S	V	P	V	R	I	S	A	S	A
S	W	K	G	S	S	G	G	P	Y	R	*	G	S	R	R	R	R
V	G	R	D	H	L	A	V	R	T	G	E	D	L	G	V	G	V
T	G	F	R	A	L	T	F	C	H	A	G	G	S	F	C	F	E
P	A	S	A	P	W	P	S	A	T	P	A	A	P	S	A	S	S
P	H	R	L	P	G	P	H	L	L	P	R	R	R	L	L	L	V
ACC	CAC	GGC	TTC	GCC	CGG	TCC	CAC	TTC	GTC	ACC	CGC	GGC	GGC	CTC	TTC	GTC	TTG
	3735			3744			3753		3762		3771		3780				
TGG	GTG	CCG	AAG	CGG	GCC	AGG	GTG	AAG	CAG	TGG	GCG	CCG	CCG	GAG	AAG	CAG	AAC
W	V	P	K	R	A	R	V	K	Q	W	A	P	P	E	K	Q	N
G	C	R	S	G	P	G	*	S	S	G	R	R	R	R	S	R	T
G	A	E	A	G	Q	G	E	A	V	G	A	A	G	E	A	E	L
S	A	P	P	L	D	G	I	R	E	R	F	T	A	R	R	G	V
A	P	R	P	C	T	A	S	A	N	A	S	R	P	A	D	A	*
R	Q	G	P	A	P	R	R	H	T	R	P	V	H	R	T	P	R
AGC	GAC	CGG	CCC	CCG	TCC	AGC	GGC	TAC	GCA	AGC	GCC	TTG	CAC	CGC	GCA	GCC	GGA
	3789			3798			3807		3816		3825		3834				
TCG	CTG	GCC	GGG	GGC	AGG	TCG	CCG	ATG	CGT	TCG	CGG	AAC	GTG	GCG	CGT	CGG	CCT
S	L	A	G	G	R	S	P	M	R	S	R	N	V	A	R	R	P
R	W	P	G	A	G	R	R	C	V	R	G	T	W	R	V	G	L
A	G	R	G	Q	V	A	D	A	F	A	E	R	G	A	S	A	Y

G I L W A A T L R S R W E Y G L L A
 A S * G P P P S A H A G S T A S S P
 R R D A L R R H P T L A V R L R P P

 TGC GGC TAG TCG GTC CGC CGC CAC TCC GCA CTC GCG GTG AGC ATC GGC TCC TCC
 3843 3852 3861 3870 3879 3888
 ACG CCG ATC AGC CAG GCG GCG GTG AGG CGT GAG CGC CAC TCG TAG CCG AGG AGG

 T P I S Q A A V R R E R H S * P R R
 R R S A R R R * G V S A T R S R G G
 A D Q P G G G E A * A P L V A E E G

 E W E A H T I T A A D D I L H R T F
 R G S P M P S R P Q T T S S T V P S
 G G V R C P H D H S R R R H P S P H

 CGG AGG GTG AGC CGT ACC CAC TAG CAC CGA CGC AGC AGC TAC TCC ACT GCC CAC
 3897 3906 3915 3924 3933 3942
 GCC TCC CAC TCG GCA TGG GTG ATC GTG GCT GCG TCG TCG ATG AGG TGA CGG GTG

 A S H S A W V I V A A S S M R * R V
 P P T R H G * S W L R R R * G D G *
 L P L G M G D R G C V V D E V T G E

 R E A H P W G P R L V R G S K L D R
 A N P T P G G P G C S A V A K * T A
 L T R R P A V R A A P R S R K E P R

 TTC GCA AGC CGC ACC CCG GTG GGC CCG GCG TCC TGC GCT GGC GAA AAG TCC AGC
 3951 3960 3969 3978 3987 3996
 AAG CGT TCG GCG TGG GGC CAC CCG GGC CGC AGG ACG CGA CCG CTT TTC AGG TCG

 K R S A W G H P G R R T R P L F R S
 S V R R G A T R A A G R D R F S G R
 A F G V G P P G P Q D A T A F Q V A

 C R P R D S D K S T V Y R E I V Y G
 A A R A T R T R A R * T A S S * T A
 P L A P P G L G Q E D R L A R D R L

 GCC GTC GCG CCC GCC AGG CTC AGG AAC GAG CAG TGC ATC GCG AGC TAG TGC ATC
 4005 4014 4023 4032 4041 4050
 CGG CAG CGC GGG CGG TCC GAG TCC TTG CTC GTC ACG TAG CGC TCG ATC ACG TAG

 R Q R G R S E S L L V T * R S I T *
 G S A G G P S P C S S R S A R S R S
 A A R A V R V L A R H V A L D H V A

 Y G S E E S H Q F P M P W R E P Y L
 T A A R R P T S S R C R G G R R T C
 R L R E G R L A P V A D A V E G P V

 GGC ATC GGC GAG AGG AGC CTC ACG ACC TTG CCG TAG CCG GTG GAG AGG CCC ATG
 4059 4068 4077 4086 4095 4104
 CCG TAG CCG CTC TCC TCG GAG TGC TGG AAC GGC ATC GGC CAC CTC TCC GGG TAC

P * P L S S E C W N G T G H L S G Y
 R S R S P R S A G T A S A T S P G T
 V A A L L G V L E R H R P P L R V Q

 D T R D I W T P A V F I S G G V P A
 I P V T S G P P P S S S A A A S P P
 S R Y P R D L H P R R L H Q R R R P

 TCT AGC CAT GCC AGC TAG GTC CAC CCC CGC TGC TTC TAC GAC GGC GGC TGC CCC
 4113 4122 4131 4140 4149 4158
 AGA TCG GTA CGG TCG ATC CAG GTG GGG GCG ACG AAG ATG CTG CCG CCG ACG GGG

 R S V R S I Q V G A T K M L P P T G
 D R Y G R S R W G R R R C C R R R G
 I G T V D P G G G D E D A A A D G G

 E S A E L L S W T H S E E V L H E W
 K P P K W C P G P T P S K S W T N G
 S R L S G A P V L H P V R R G P T G

 CGA AGC CTC CGA AGG TCG TCC CTG GTC CAC ACC CTG AGA AGC TGG TCC ACA AGG
 4167 4176 4185 4194 4203 4212
 GCT TCG GAG GCT TCC AGC AGG GAC CAG GTG TGG GAC TCT TCG ACC AGG TGT TCC

 A S E A S S R D Q V W D S S T R C S
 L R R L P A G T R C G T L R P G V P
 F G G F Q Q G P G V G L F D Q V F P

 P A S W D L E W D L G T G S I G Y T
 P R A G T S N G T W A P A P S A T R
 L A R E L R T G L G P R H R L H R V

 GTC CCG CGC GAG GTC AGC TCA AGG GTC AGG TCC GGC CAC GGC CTC TAC GGC ATG
 4221 4230 4239 4248 4257 4266
 CAG GGC GCG CTC CAG TCG AGT TCC CAG TCC AGG CCG GTG CCG GAG ATG CCG TAC

 Q G A L Q S S S Q S R P V P E M P Y
 R A R S S R V P S P G R C R R C R T
 G R A P V E F P V Q A G A G D A V R

 R D A D V R W F R S H L I (V) Q A H D
 A T P T W G G S G P T S S * K P T T X4
 H P R R G G A L V P L P P D S P R P

 CAC GCC AGC CGC AGG TGG GCG GTC TTG GCC CTC ACC TCC TAG TGA ACC CGC ACC
 4275 4284 4293 4302 4311 4320
 GTG CGG TCG GCG TCC ACC CGC CAG AAC CGG GAG TGG AGG ATC ACT TGG GCG TGG

 V R S A S T R Q N R E W R I T W A W
 C G R R P P A R T G S G G S L G R G
 A V G V H P P E P G V E D H L G V V

 A L D N I I E T F H A P A S N P * P
 P W T T S S R P S T P P R R T R D P
 R G P R Q H D R H L P R A G L E T L

 AGC CGG TCC AGC AAC TAC TAG AGC CAC TTC ACC CGC CCG CGG CTC AAG CCA GTC

4329 4338 4347 4356 4365 4374
 TCG GCC AGG TCG TTG ATG ATC TCG GTG AAG TGG GCG GGC GCC GAG TTC GGT CAG

 S A R S L M I S V K W A G A E F G Q
 R P G R * * S R * S G R A P S S V R
 G Q V V D D L G E V G G R R V R S G

 G A G M G Q R Q P R * R G A P R D P
 G R A W E R V S P D D A D L L A I L
 A G R G N G S A P T T L T W C P S *

 CCG GGG CGC GGG TAA GGG ACT GCG ACC CCA GCA GTC GCA GGT CGT CCC GCT AGT
 4383 4392 4401 4410 4419 4428
 GGC CCC GCG CCC ATT CCC TGA CGC TGG GGT CGT CAG CGT CCA GCA GGG CGA TCA

 G P A P I P * R W G R Q R P A G R S
 A P R P F P D A G V V S V Q Q G D Q
 P R A H S L T L G S S A S S R A I R

 R P L L T P R S G R R L G R H R D A
 A P C C R P D A V E E F V E I A T L
 P P A A A H T Q * R K S S R S P P *

 CCC GCC CCG TCG TCG CAC CCA GAC GAT GGA GAA GCT TCT GGA GCT ACC GCC AGT
 4437 4446 4455 4464 4473 4482
 GGG CGG GGC AGC AGC GTG GGT CTG CTA CCT CTT CGA AGA CCT CGA TGG CGG TCA

 G R G S S V G L L P L R R P R W R S
 G G A A A W V C Y L F E D L D G G Q
 A G Q Q R G S A T S S K T S M A V S

 P R L Q G P Y A A R R H D Y P N R *
 R G F S G L T P L G G I I T L I A D
 G A S A A W P L C G A S S R L S Q T

 CGG CCG GCT TCG ACG GGT CCC ATC CGT CGG GCG GCT ACT AGC ATT CCT AAC GCA
 4491 4500 4509 4518 4527 4536
 GCC GGC CGA AGC TGC CCA GGG TAG GCA GCC CGC CGA TGA TCG TAA GGA TTG CGT

 A G R S C P G * A A R R * S * G L R
 P A E A A Q G R Q P A D D R K D C V
 R P K L P R V G S P P M I V R I A S

 S R H R G A A R P R R I L R R R R R
 R G I D V L Q A R A A Y S A D D D G
 V V S T S W S R A P P T H P T T T A

 GTG CTG GCT ACA GCT GGT CGA CGC GCG CCC GCC GCA TAC TCC GCA GCA GCA GCG
 4545 4554 4563 4572 4581 4590
 CAC GAC CGA TGT CGA CCA GCT GCG CGC GGG CGG CGT ATG AGG CGT CGT CGT CGC

 H D R C R P A A R G R R M R R R R R
 T T D V D Q L R A G G V * G V V V A
 R P M S T S C A R A A Y E A S S S P

 R A A P R P D R H P P D H H A P H G
 D L Q Q V L T E I H P T T T R R T A

T	S	S	S	S	S	P	R	S	T	P	P	R	P	A	G	P	P
GCA	GCT	CGA	CGA	CCT	GCT	CCC	AGA	GCT	ACA	CCC	CCC	AGC	ACC	ACG	CGG	CCC	ACC
	4599			4608				4617			4626			4635			4644
CGT	CGA	GCT	GCT	GGA	CGA	GGG	TCT	CGA	TGT	GGG	GGG	TCG	TGG	TGC	GCC	GGG	TGG
R	R	A	A	G	R	G	S	R	C	G	G	S	W	C	A	G	W
V	E	L	L	D	E	G	L	D	V	G	G	R	G	A	P	G	G
S	S	C	W	T	R	V	S	M	W	G	V	V	V	R	R	V	A
H	R	W	L	H	P	A	V	L	L	A	G	P	P	R	R	A	V
M	V	G	S	T	P	L	W	W	C	L	A	P	R	D	D	P	W
W	S	A	L	P	P	S	G	G	A	S	R	R	A	T	T	P	G
GGT	ACT	GCG	GTC	TCC	ACC	CCT	CGG	TGG	TCG	TCT	CGC	GGC	CCG	CCA	GCA	GCC	CGG
	4653			4662				4671			4680			4689			4698
CCA	TGA	CGC	CAG	AGG	TGG	GGA	GCC	ACC	AGC	AGA	GCG	CCG	GGC	GGT	CGT	CGG	GCC
P	*	R	Q	R	W	G	A	T	S	R	A	P	G	G	R	R	A
H	D	A	R	G	G	E	P	P	A	E	R	R	A	V	V	G	P
M	T	P	E	V	G	S	H	Q	Q	S	A	G	R	S	S	G	H
P	R	P	G	R	S	G	P	R	R	L	P	R	T	D	P	R	R
P	A	R	D	E	A	A	R	D	E	F	P	A	R	T	L	D	V
R	P	A	T	R	P	Q	G	T	K	S	P	P	A	H	*	T	S
TGC	CCC	GCG	CCA	GGA	GCC	GAC	GGG	CCA	GAA	GCT	TCC	CCC	GCG	CAC	AGT	CCA	GCT
	4707			4716				4725			4734			4743			4752
ACG	GGG	CGC	GGT	CCT	CGG	CTG	CCC	GGT	CTT	CGA	AGG	GGG	CGC	GTG	TCA	GGT	CGA
T	G	R	G	P	R	L	P	G	L	R	R	G	R	V	S	G	R
R	G	A	V	L	G	C	P	V	F	E	G	G	A	C	Q	V	D
G	A	R	S	S	A	A	R	S	S	K	G	A	R	V	R	S	T
P	A	L	R	P	R	A	A	R	G	R	G	A	P	P	R	V	A
P	R	W	A	P	D	L	P	E	D	E	A	P	P	R	V	Y	R
P	A	G	P	P	T	S	R	S	T	R	P	R	R	A	S	T	G
GCC	CCG	CGG	TCC	GCC	CCA	GCT	CGC	CGA	GCA	GGA	GCC	GGC	CGC	CCG	CCT	GCA	TGG
	4761			4770				4779			4788			4797			4806
CGG	GGC	GCC	AGG	CGG	GGT	CGA	GCG	GCT	CGT	CCT	CGG	CCG	GCG	GGC	GGA	CGT	ACC
R	G	A	R	R	G	R	A	A	R	P	R	P	A	G	G	R	T
G	A	P	G	G	V	E	R	L	V	L	G	R	R	A	D	V	P
G	R	Q	A	G	S	S	G	S	S	S	A	G	G	R	T	Y	R
S	R	A	P	R	L	A	C	Q	D	R	A	V	D	R	C	G	G
R	G	H	Q	A	C	P	A	N	I	G	H	S	T	(V)	A	A	G X S
G	V	T	S	P	A	P	R	M	S	G	T	R	R	*	P	L	G
CGG	CTG	GCA	CGA	CCC	GCG	TCC	CGC	GTA	ACT	AGG	GCA	CGC	TGC	AGT	GCC	GTC	GGG
	4815			4824				4833			4842			4851			4860
GCC	GAC	CGT	GCT	GGG	CGC	AGG	GCG	CAT	TGA	TCC	CGT	GCG	ACG	TCA	CGG	CAG	CCC
A	D	R	A	G	R	R	A	H	*	S	R	A	T	S	R	Q	P
P	T	V	L	G	A	G	R	I	D	P	V	R	R	H	G	S	P
R	P	C	W	A	Q	G	A	L	I	P	C	D	V	T	A	A	P

P R G * P P A R L * K T L A L L P L
Q G A E L R P A C D N Q L H W S R F
R A P R L A P R A T M K Y T G P A S

GGA CCG GCC GGA GTT CCG CCC CGC GCG TCA GTA AAA CAT TCA CGG TCC TCG CCT
4869 4878 4887 4896 4905 4914
CCT GGC CGG CCT CAA GGC GGG GCG CGC AGT CAT TTT GTA AGT GCC AGG AGC GGA

P G R P Q G G A R S H F V S A R S G
L A G L K A G R A V I L * V P G A E
W P A S R R G A Q S F C K C Q E R K

Y A G E F P L I V H L A S A P P E A
I P E K S H C S * T S L P R R R S P
S L S R R I A L D R P S R V G A A R

TCT ATC CGA GGA AGC TTA CCG TTC TAG TGC ACC TCT CGC CTG CGG CCG CCG AGC
4923 4932 4941 4950 4959 4968
AGA TAG GCT CCT TCG AAT GGC AAG ATC ACG TGG AGA GCG GAC GCC GGC GGC TCG

R * A P S N G K I T W R A D A G G S
D R L L R (M) A R S R G E R T P A A R
I G S F E W Q D H V E S G R R R L G

S * R V C R E N G A T A P V A R C G
P D G * A V S T E L L P L C Q E A V
R I V E R L A R K W C H C A S S P L

CGC CTA GTG GAG TGC GTT GCG AGC AAA GGT CGT CAC CGT CCG TGA CGA GCC GTT
4977 4986 4995 5004 5013 5022
GCG GAT CAC CTC ACG CAA CGC TCG TTT CCA GCA GTG GCA GGC ACT GCT CGG CAA

A D H L T Q R S F P A V A G T A R Q
R I T S R N A R F Q Q W Q A L L G N
G S P H A T L V S S S G R H C S A T

C C A C A R R H T G P S P L G G S R
A V L A R A G T L E Q H H S D A R D
R L L R V R A P S N R T I P T R G I

GGC GTT GTT CGC GTG CGC GCG GCC ACT CAA GGA CCA CTA CCC TCA GGC GGG CTA
5031 5040 5049 5058 5067 5076
CCG CAA CAA GCG CAC GCG CGC CGG TGA GTT CCT GGT GAT GGG AGT CCG CCC GAT

P Q Q A H A R R * V P G D G S P P D
R N K R T R A G E F L V M G V R P I
A T S A R A P V S S W * W E S A R S

A R P P A R S A R V C A G R R R V A
R E R H L V A P G Y A R E E V V S L
E S A T S C P Q G T R V S R * S P C

GAG CGA GCG CCA CCT CGT GCC GAC CGG GCA TGC GTG CGA GGA GAT GCT GCC TGT
5085 5094 5103 5112 5121 5130
CTC GCT CCG GGT GGA GCA CGG CTG GCC CGT ACG CAC GCT CCT CTA CGA CGG ACA

L A R G G A R L A R T H A P L R R T
 S L A V E H G W P V R T L L Y D G Q
 R S R W S T A G P Y A R S S T T D S

 P A T S T P A P A E E Y P A S P A S
 P L Q R L P R P L K K T R H P R L L
 R S S D F H A R S S R R V T R V S C

 CGC CCT CGA CAG CTT CAC CCG CGC CCT CGA AGA AGC ATG CCA CGC CTG CCT CGT
 5139 5148 5157 5166 5175 5184
 GCG GGA GCT GTC GAA GTG GGC GCG GGA GCT TCT TCG TAC GGT GCG GAC GGA GCA

 A G A V E V G A G A S S Y G A D G A
 R E L S K W A R E L L R T V R T E Q
 G S C R S G R G S F F V R C G R S R

 R S P G P G A S P A P P S S R P G A
 D R H G R V Q Q H L Q P L L V L G R
 I A I A G S R S I S S P S F F S A G

 CTA GCG CTA CCG GGG CCT GGA CGA CTA CCT CGA CCC CCT CTT CTT GCT CCG GGG
 5193 5202 5211 5220 5229 5238
 GAT CGC GAT GGC CCC GGA CCT GCT GAT GGA GCT GGG GGA GAA GAA CGA GGC CCC

 D R D G P G P A D G A G G E E R G P
 I A M A P D L L M E L G E K N E A P
 S R W P R T C * W S W G R R T R P R

 R P R R R R P S A R R R G R G S G P
 G L D D G D H L H G G V V E V P D R
 G S T T A T T S I G A S S R S R I G

 CGG GCT CCA GCA GCG GCA GCA CCT CTA CGG GCG GCT GCT GGA GCT GGC CTA GGG
 5247 5256 5265 5274 5283 5292
 GCC CGA GGT CGT CGC CGT CGT GGA GAT GCC CGC CGA CGA CCT CGA CCG GAT CCC

 A R G R R R R G D A R R R P R P D P
 P E V V A V V E M P A D D L D R I P
 P R S S P S W R C P P T T S T G S R

 G P P S G P R V T R G A S W D P S C
 D P L V E Q A Y Q E V P R G T R P V
 T R S S K R P T S N S R G V L G P F

 CCA GGC CCT CCT GAA GGA CCC GCA TGA CAA GCT GGC CGG CTG GTC AGG CCC CTT
 5301 5310 5319 5328 5337 5346
 GGT CCG GGA GGA CTT CCT GGG CGT ACT GTT CGA CCG GCC GAC CAG TCC GGG GAA

 G P G G L P G R T V R P A D Q S G E
 V R E D F L G V L F D R P T S P G N
 S G R T S W A Y C S T G R P V R G T

 R C C * E S P P H G P R A R A S R P
 D A A D N A R R I G Q A R V P Q D H
 M P L M M R E A S A R P A C P S I T

 GTA GCC GTC GTA GTA AGC GAG CCG CCT ACG GGA CCC GCG CGT GCC CGA CTA GCA

5355			5364			5373			5382			5391			5400		
CAT	CGG	CAG	CAT	CAT	TCG	CTC	GGC	GGA	TGC	CCT	GGG	CGC	GCA	CGG	GCT	GAT	CGT
H	R	Q	H	H	S	L	G	G	C	P	G	R	A	R	A	D	R
I	G	S	I	I	R	S	A	D	A	L	G	A	H	G	L	I	V
S	A	A	S	F	A	R	R	M	P	W	A	R	T	G	*	S	W
P	A	R	R	R	R	R	R	G	S	I	P	G	T	S	C	R	S
R	P	V	G	G	V	D	V	V	R	F	R	D	P	R	A	G	A
A	P	C	A	A	S	T	*	S	G	F	D	T	R	D	L	V	P
CCG	CCC	CGT	GCG	GCG	GCT	GCA	GAT	GCT	GGG	CTT	TAG	CCA	GGC	CAG	CTC	GTG	GCC
5409			5418			5427			5436			5445			5454		
GGC	GGG	GCA	CGC	CGC	CGA	CGT	CTA	CGA	CCC	GAA	ATC	GGT	CCG	GTC	GAG	CAC	CGG
G	G	A	R	R	R	R	L	R	P	E	I	G	P	V	E	H	R
A	G	H	A	A	D	V	Y	D	P	K	S	V	R	S	S	T	G
R	G	T	P	P	T	S	T	T	R	N	R	S	G	R	A	P	A
A	T	R	G	A	R	R	G	P	A	T	V	P	R	P	S	P	S
R	Q	E	G	Q	G	G	D	P	H	R	*	R	A	L	H	H	V
E	S	N	E	R	G	A	T	R	T	G	D	G	P	S	T	I	S
GAG	CGA	CAA	GAG	GGA	CGG	GCG	GCA	GGC	CCA	CGG	CAG	TGG	CCC	GCT	CCA	CTA	CCT
5463			5472			5481			5490			5499			5508		
CTC	GCT	GTT	CTC	CCT	GCC	CGC	CGT	CCG	GGT	GCC	GTC	ACC	GGG	CGA	GGT	GAT	GGA
L	A	V	L	P	A	R	R	P	G	A	V	T	G	R	G	D	G
S	L	F	S	L	P	A	V	R	V	P	S	P	G	E	V	M	D
R	C	S	P	C	P	P	S	G	C	R	H	R	A	R	*	W	T
P	P	P	G	G	P	R	R	C	A	S	R	G	P	R	Y	P	R
P	H	L	G	A	P	G	G	A	R	R	D	D	Q	D	T	R	V
Q	T	S	A	R	R	A	A	P	V	G	I	T	R	T	P	V	S
GAC	CCA	CCT	CCG	GGC	GGC	CCG	GCG	GCC	GTG	CGG	CTA	GCA	GGA	CCA	GCC	ATG	CCT
5517			5526			5535			5544			5553			5562		
CTG	GGT	GGA	GGC	CCG	CCG	GGC	CGC	CGG	CAC	GCC	GAT	CGT	CCT	GGT	CGG	TAC	GGA
L	G	G	G	P	P	G	R	R	H	A	D	R	P	G	R	Y	G
W	V	E	A	R	R	A	A	G	T	P	I	V	L	V	G	T	D
G	W	R	P	A	G	P	P	A	R	R	S	S	W	S	V	R	T
A	R	R	S	R	H	T	R	S	R	S	*	G	A	S	G	A	A
L	V	A	V	A	I	H	E	V	E	V	E	G	L	R	G	Q	Q
S	C	P	S	Q	S	T	N	S	K	S	K	V	W	G	V	R	S
GCT	CGT	GCC	GCT	GAC	GCT	ACA	CAA	GCT	GAA	GCT	GAA	GTG	GGT	CGG	CTG	GGA	CGA
5571			5580			5589			5598			5607			5616		
CGA	GCA	CGG	CGA	CTG	CGA	TGT	GTT	CGA	CTT	CGA	CTT	CAC	CCA	GCC	GAC	CCT	GCT
R	A	R	R	L	R	C	V	R	L	R	L	H	P	A	D	P	A
E	H	G	D	C	D	V	F	D	F	D	F	T	Q	P	T	L	L
S	T	A	T	A	M	C	S	T	S	T	S	P	S	R	P	C	C
S	R	C	H	S	L	R	A	*	C	R	R	A	Y	T	T	R	S
Q	D	A	I	L	C	G	P	E	A	V	G	P	T	R	Q	A	V

S	I	P	L	S	V	A	P	S	L	L	A	Q	R	V	N	H	S
CGA	CTA	GCC	GTT	ACT	CTG	TCG	GCC	CGA	GTC	GTT	GCG	GAC	CGC	ATG	CAA	CAC	GCT
	5625			5634			5643			5652		5661		5670			
GCT	GAT	CGG	CAA	TGA	GAC	AGC	CGG	GCT	CAG	CAA	CGC	CTG	GCG	TAC	GTT	GTG	CGA
A	D	R	Q	*	D	S	R	A	Q	Q	R	L	A	Y	V	V	R
L	I	G	N	E	T	A	G	L	S	N	A	W	R	T	L	C	D
*	S	A	M	R	Q	P	G	S	A	T	P	G	V	R	C	A	T
C	P	*	C	G	S	P	R	S	R	S	S	A	S	R	P	S	R
V	R	D	A	D	R	H	G	A	G	R	A	R	Q	V	R	R	V
*	V	T	L	M	G	I	A	P	E	A	L	E	S	F	A	A	F
GAT	GTG	CCA	GTC	GTA	GGG	CTA	CCG	GCC	GAG	GCG	CTC	GAG	CGA	CTT	GCG	CCG	CTT
	5679			5688			5697		5706		5715		5724				
CTA	CAC	GGT	CAG	CAT	CCC	GAT	GGC	CGG	CTC	CGC	GAG	CTC	GCT	GAA	CGC	GGC	GAA
L	H	G	Q	H	P	D	G	R	L	R	E	L	A	E	R	G	E
Y	T	V	S	I	P	M	A	G	S	A	S	S	L	N	A	A	N
T	R	S	A	S	R	W	P	A	P	R	A	R	*	T	R	R	T
R	S	R	S	G	R	R	L	P	V	A	A	S	*	R	F	F	R
G	R	G	R	D	E	V	F	R	Y	P	L	P	D	A	S	S	G
A	A	V	A	I	R	*	S	A	T	R	C	R	I	L	P	L	V
GCG	GCG	CTG	GCG	CTA	GGA	GAT	GCT	TCG	CCA	TGC	CGT	CGC	CTA	GTC	GCC	TTC	TTG
	5733			5742			5751		5760		5769		5778				
CGC	CGC	GAC	CGC	GAT	CCT	CTA	CGA	AGC	GGT	ACG	GCA	GCG	GAT	CAG	CGG	AAG	AAC
R	R	D	R	D	P	L	R	S	G	T	A	A	D	Q	R	K	N
A	A	T	A	I	L	Y	E	A	V	R	Q	R	I	S	G	R	T
P	R	P	R	S	S	T	K	R	Y	G	S	G	S	A	E	E	P
L	L	E	R	L	L	R	P	Y	N	Y	R	A	R	A	R	D	Q
C	C	S	G	S	C	G	P	T	T	T	G	P	G	R	G	T	R
A	V	V	G	Q	A	A	P	P	L	Q	V	Q	G	A	G	P	G
GCG	TTG	TTG	AGG	GAC	TCG	TCG	GCC	CCC	ATC	AAC	ATG	GAC	CGG	GCG	CGG	GCC	AGG
	5787			5796			5805		5814		5823		5832				
CGC	AAC	AAC	TCC	CTG	AGC	AGC	CGG	GGG	TAG	TTG	TAC	CTG	GCC	CGC	GCC	CGG	TCC
R	N	N	S	L	S	S	R	G	*	(L)	Y	L	A	R	A	R	S
A	T	T	P	*	A	A	G	G	S	C	T	W	P	A	P	G	P
Q	Q	L	P	E	Q	P	G	V	V	V	P	G	P	R	P	V	L
I	R	G	V	I	E	A	H	R	E	F	D	G	A	L	R	G	L
S	G	G	W	S	R	R	T	G	S	S	T	A	Q	W	V	A	W
P	D	A	G	R	D	G	R	A	A	R	L	R	R	G	S	P	G
ACC	TAG	GCG	GGG	TGC	TAG	AGG	CGC	ACG	GCG	AGC	TTC	AGC	GGA	CGG	TCT	GCC	GGG
	5841			5850			5859		5868		5877		5886				
TGG	ATC	CGC	CCC	ACG	ATC	TCC	GCG	TGC	CGC	TCG	AAG	TCG	CCT	GCC	AGA	CGG	CCC
W	I	R	P	T	I	S	A	C	R	S	K	S	P	A	R	R	P
G	S	A	P	R	S	P	R	A	A	R	S	R	L	P	D	G	P
D	P	P	H	D	L	R	V	P	L	E	V	A	C	Q	T	A	Q

T A A P D S G L T L A E V D G E Y V
 R P L P T R A W R * L R S T V R T C
 A H C R P G L G A D S G R R * G R V

 TCG CAC CGT CGC CCC AGG CTC GGG TCG CAG TCT CGG AGC TGC AGT GGG AGC ATG
 5895 5904 5913 5922 5931 5940
 AGC GTG GCA GCG GGG TCC GAG CCC AGC GTC AGA GCC TCG ACG TCA CCC TCG TAC

 S V A A G S E P S V R A S T S P S Y
 A W Q R G P S P A S E P R R H P R T
 R G S G V R A Q R Q S L D V T L V H

 S S M F E A E P P L V P L S G S A L
 P P C S N R K P R C C R C P A R R S
 R L V H I G S R A A A G A P L G V R

 TGC CTC CTG TAC TTA AGG CGA AGC CCG CCG TCG TGG CCG TCC CTC GGG CTG CGC
 5949 5958 5967 5976 5985 5994
 ACG GAG GAC ATG AAT TCC GCT TCG GGC GGC AGC ACC GGC AGG GAG CCC GAC GCG

 T E D M N S A S G G S T G R E P D A
 R R T * I P L R A A A P A G S P T R
 G G H E F R F G R Q H R Q G A R R E

 T E L M R A T F L G T D A V L P S V
 R K S C G P R S C G R T P W S R A S
 A N R A D P G H V A G H R G R A P Q

 TCG CAA AGC TCG TAG GCC CGG CAC TTG TCG GGG CAC AGC CGG TGC TCG CCC GAC
 6003 6012 6021 6030 6039 6048
 AGC GTT TCG AGC ATC CGG GCC GTG AAC AGC CCC GTG TCG GCC ACG AGC GGG CTG

 S V S S I R A V N S P V S A T S G L
 A F R A S G P * T A P C R P R A G *
 R F E H P G R E Q P R V G H E R A D

 L V P T I V A R G M E T V V H G F P
 W C R R S S P G D W R P S S M D S R
 G A G A H H R G T G D R H R C T R V

 TGG TCG TGG CCG CAC TAC TGC CGG GCA GGG TAG AGC CAC TGC TGT ACA GGC TTG
 6057 6066 6075 6084 6093 6102
 ACC AGC ACC GGC GTG ATG ACG GCC CGT CCC ATC TCG GTG ACG ACA TGT CCG AAC

 T S T G V M T A R P I S V T T C P N
 P A P A * * R P V P S R * R H V R T
 Q H R R D D G P S H L G D D M S E R

 V P P Q V E V G S * G N R S G R L H
 C R R S S R S A A E A T G A G A S T
 A G A A P G R R R K L R E P E R P P

 CCG TGG CCG CCG ACC TGG AGC TGC GGC GAA GTC GGC AAG GCC GAG GGC GCC TCC
 6111 6120 6129 6138 6147 6156
 GGC ACC GGC GGC TGG ACC TCG ACG CCG CTT CAG CCG TTC CGG CTC CCG CGG AGG

G T G G W T S T P L Q P F R L P R R
A P A A G P R R R F S R S G S R G G
H R R L D L D A A S A V P A P A E V

H G R L R P L D G R G V V A R L G S
I D E F G P C T E G D W W R G C V R
S T R S A P A P R G T G G G G A S G

ACT ACA GGA GCT TCG GCC CCG TCC AGA GGG GCA GGG TGG TGG CGG GCG TCT GGG
6165 6174 6183 6192 6201 6210

TGA TGT CCT CGA AGC CGG GGC AGG TCT CCC CGT CCC ACC ACC GCC CGC AGA CCC

* C P R S R G R S P R P T T A R R P
D V L E A G A G L P V P P P A D P

(M) S S K P G Q V S P S H H R P Q T R X

D A A A P G T Q R G G R G R H V A E
I R R L R A Q R A A E V V E I F P K
F G G C G P R D P P R W S R S S R S

CTT AGG CGG CGT CGG CCC GGA CAG ACC GCC GGA GGT GCT GGA GCT ACT TGC CGA
6219 6228 6237 6246 6255 6264

GAA TCC GCC GCA GCC GGG CCT GTC TGG CGG CCT CCA CGA CCT CGA TGA ACG GCT

E S A A A G P V W R P P R P R * T A
N P P Q P G L S G G L H D L D E R L
I R R S R A C L A A S T T S M N G F

V A G L Q Q R H V A A R L G A G S R
W R G W N S G I Y Q L E Y D R E P G
G G G G T A A S T S C S T T G S R V

AGG TGG CGG GGG TCA ACG ACG GCT ACA TGA CGT CGA GCA TCA GGG CGA GGC CTG
6273 6282 6291 6300 6309 6318

TCC ACC GCC CCC AGT TGC TGC CGA TGT ACT GCA GCT CGT AGT CCC GCT CCG GAC

S T A P S C C R C T A A R S P A P D
P P P P V A A D V L Q L V V P L R T
H R P Q L L P M Y C S S * S R S G P

A G T S A T G A P A N R F L P L V R
L E R P H R V L Q P M G F C P F F E
S S G H I G Y W S P C E S V P S S S

GCT CGA GGG CAC CTA CGG CAT GGT CGA CCC CGT AAG GCT TTG TCC CCT TCT TGA
6327 6336 6345 6354 6363 6372

CGA GCT CCC GTG GAT GCC GTA CCA GCT GGG GCA TTC CGA AAC AGG GGA AGA ACT

R A P V D A V P A G A F R N R G R T
E L P W M P Y Q L G H S E T G E E L
S S R G C R T S W G I P K Q G K N S

G R R A L P G D V Q A A P R P R Q A
A G D P L P G T L K P Q L V L D S L
P G T P C P A R * S P S C S S T A S

GCC GGG GCA GCC CGT TCC CCG GGC AGT TGA ACC CGA CGT CCT GCT CCA GCG ACT

6381			6390			6399			6408			6417			6426		
CGG	CCC	CGT	CGG	GCA	AGG	GGC	CCG	TCA	ACT	TGG	GCT	GCA	GGA	CGA	GGT	CGC	TGA
R	P	R	R	A	R	G	P	S	T	W	A	A	G	R	G	R	*
G	P	V	G	Q	G	A	R	Q	L	G	L	Q	D	E	V	A	E
A	P	S	G	K	G	P	V	N	L	G	C	R	T	R	S	L	S
R	L	L	A	T	A	L	E	R	D	L	P	H	R	R	L	Q	R
A	S	Y	L	R	R	W	N	E	I	S	H	T	G	V	S	S	D
R	P	T	S	G	D	G	I	R	S	R	T	P	A	S	P	A	T
CGC	GCC	TCA	TCT	CGG	CAG	CGG	TTA	AGA	GCT	AGC	TCA	CCC	ACG	GCT	GCC	TCG	ACA
6435			6444			6453			6462			6471			6480		
GCG	CGG	AGT	AGA	GCC	GTC	GCC	AAT	TCT	CGA	TCG	AGT	GGG	TGC	CGA	CGG	AGC	TGT
A	R	S	R	A	V	A	N	S	R	S	S	G	C	R	R	S	C
R	G	V	E	P	S	P	I	L	D	R	V	G	A	D	G	A	V
A	E	*	S	R	R	Q	F	S	I	E	W	V	P	T	E	L	S
R	R	H	R	C	R	G	L	P	R	*	F	D	I	I	L	R	R
D	A	T	A	V	G	G	L	H	G	D	S	I	S	*	*	A	G
T	P	P	P	S	V	A	W	T	A	T	L	F	R	N	D	P	A
GCA	GCC	GCC	ACC	GCT	GTG	GCG	GGT	TCA	CCG	GCA	GTC	TTT	AGC	TAA	TAG	TCC	GCG
6489			6498			6507			6516			6525			6534		
CGT	CGG	CGG	TGG	CGA	CAC	CGC	CCA	AGT	GGC	CGT	CAG	AAA	TCG	ATT	ATC	AGG	CGC
R	R	R	W	R	H	R	P	S	G	R	Q	K	S	I	I	R	R
V	G	G	G	D	T	A	Q	V	A	V	R	N	R	L	S	G	A
S	A	(V)	A	T	P	P	K	W	P	S	E	I	D	Y	Q	A	P
D	R	P	F	S	C	A	L	E	I	Q	E	D	S	L	Y	Q	R
T	G	P	F	R	A	P	W	N	S	R	S	T	R	C	I	S	G
P	G	Q	S	V	L	L	G	T	R	D	A	R	G	V	S	V	A
GCC	AGG	GAC	CCT	TTG	CTC	GTC	CGG	TCA	AGC	TAG	ACG	AGC	AGG	CTG	TCT	ATG	ACG
6543			6552			6561			6570			6579			6588		
CGG	TCC	CTG	GGA	AAC	GAG	CAG	GCC	AGT	TCG	ATC	TGC	TCG	TCC	GAC	AGA	TAC	TGC
R	S	L	G	N	E	Q	A	S	S	I	C	S	S	D	R	Y	C
G	P	W	E	T	S	R	P	V	R	S	A	R	P	T	D	T	A
V	P	G	K	R	A	G	Q	F	D	L	L	V	R	Q	I	L	P
A	E	F	M	F	V	L	H	T	G	W	R	V	D	P	E	V	P
P	R	S	C	S	C	L	I	H	E	G	A	C	T	R	S	W	R
P	G	R	V	H	V	C	S	T	N	G	L	A	R	G	A	G	G
GCC	CGG	AGC	TTG	TAC	TTG	TGT	TCT	ACA	CAA	GGG	GTC	GCG	TGC	AGG	CCG	AGG	TGG
6597			6606			6615			6624			6633			6642		
CGG	GCC	TCG	AAC	ATG	AAC	ACA	AGA	TGT	GTT	CCC	CAG	CGC	ACG	TCC	GGC	TCC	ACC
R	A	S	N	M	N	T	R	C	V	P	Q	R	T	S	G	S	T
G	P	R	T	*	T	Q	D	V	F	P	S	A	R	P	A	P	P
G	L	E	H	E	H	K	M	C	S	P	A	H	V	R	L	H	R
L	H	R	P	I	Q	E	D	M	R	S	L	A	G	S	V	R	V
F	I	G	R	S	R	S	T	W	G	R	F	R	A	A	S	G	S

S	S	A	A	P	D	A	R	G	D	A	F	A	R	R	Q	G	P
CCT	TCT	ACG	GCG	CCC	TAG	ACG	AGC	AGG	TAG	GCG	CTT	TCG	CGC	GGC	GAC	TGG	GCC
	6651			6660				6669		6678			6687			6696	
GGA	AGA	TGC	CGC	GGG	ATC	TGC	TCG	TCC	ATC	CGC	GAA	AGC	GCG	CCG	CTG	ACC	CGG
G	R	C	R	G	I	C	S	S	I	R	E	S	A	P	L	T	R
E	D	A	A	G	S	A	R	P	S	A	K	A	R	R	*	P	G
K	M	P	R	D	L	L	V	H	P	R	K	R	A	A	D	P	D
E	C	G	A	E	G	A	A	E	V	Y	A	A	V	T	Q	S	F
R	V	A	R	K	V	R	R	R	W	M	P	P	L	P	R	A	S
G	*	L	G	S	*	G	G	G	G	C	L	R	C	R	D	P	Q
TGG	AGT	GTC	GGG	CGA	AGT	GGG	CGG	CGG	AGG	TGT	ATC	CGC	CGT	TGC	CAG	ACC	GAC
	6705			6714				6723		6732			6741			6750	
ACC	TCA	CAG	CCC	GCT	TCA	CCC	GCC	GCC	TCC	ACA	TAG	GCG	GCA	ACG	GTC	TGG	CTG
T	S	Q	P	A	S	P	A	A	S	T	*	A	A	T	V	W	L
P	H	S	P	L	H	P	P	P	P	H	R	R	Q	R	S	G	*
L	T	A	R	F	T	R	R	L	H	I	G	G	N	G	L	A	E
G	A	Q	W	H	L	N	G	A	V	L	V	R	A	E	A	M	G
D	R	R	G	I	F	I	G	P	*	S	C	G	P	K	R	W	E
I	G	G	A	L	S	S	E	R	S	R	A	G	P	S	G	G	N
TTA	GGG	CGG	ACG	GTT	ACT	TCT	AAG	GGC	CGA	TGC	TCG	TGG	GCC	CGA	AGG	CGG	TAA
	6759			6768				6777		6786			6795			6804	
AAT	CCC	GCC	TGC	CAA	TGA	AGA	TTC	CCG	GCT	ACG	AGC	ACC	CGG	GCT	TCC	GCC	ATT
N	P	A	C	Q	*	R	F	P	A	T	S	T	R	A	S	A	I
I	P	P	A	N	E	D	S	R	L	R	A	P	G	L	P	P	F
S	R	L	P	M	K	I	P	G	Y	E	H	P	G	F	R	H	S
G	E	W	P	C	V	Q	L	W	W	Q	R	Q	S	D	L	S	F
A	R	G	L	V	C	R	Y	G	G	S	A	S	H	T	*	P	F
R	G	G	L	S	V	G	T	A	V	V	P	A	T	L	R	P	F
GGC	GGG	AGG	GTT	CCT	GTG	TGG	ACA	TCG	GTG	GTG	ACC	GCG	ACA	CTC	AGA	TCC	CTT
	6813			6822				6831		6840			6849			6858	
CCG	CCC	TCC	CAA	GGA	CAC	ACC	TGT	AGC	CAC	CAC	TGG	CGC	TGT	GAG	TCT	AGG	GAA
P	P	S	Q	G	H	T	C	S	H	H	W	R	C	E	S	R	E
R	P	P	K	D	T	P	V	A	T	T	G	A	V	S	L	G	K
A	L	P	R	T	H	L	*	P	P	L	A	L	*	V	*	G	K
S	S	P	F	C	Q	H	F	C	Q	L	F	C	Q	P	C	F	E
P	V	P	S	V	S	T	F	V	S	S	F	V	S	P	V	F	N
L	F	Q	P	F	V	P	S	F	V	P	S	F	V	P	S	L	I
TTC	CTT	GAC	CCC	TTT	GTG	ACC	ACT	TTT	GTG	ACC	TCT	TTT	GTG	ACC	CCT	GTT	TTA
	6867			6876				6885		6894			6903			6912	
AAG	GAA	CTG	GGG	AAA	CAC	TGG	TGA	AAA	CAC	TGG	AGA	AAA	CAC	TGG	GGA	CAA	AAT
K	E	L	G	K	H	W	*	K	H	W	R	K	H	W	G	Q	N
R	N	W	G	N	T	G	E	N	T	G	E	N	T	G	D	K	I
G	T	G	E	T	L	V	K	T	L	E	K	T	L	G	T	K	F

A P V A A * P G A E L V D A A R V L
 L R S R Q E P A Q R W C T P Q G S W
 * G P G S S L P R G G A R R S G P G

 AGT CGG CCC TGG CGA CGA GTC CCC GGA CGG AGG TCG TGC AGC CGA CGG GCC TGG
 6921 6930 6939 6948 6957 6966
 TCA GCC GGG ACC GCT GCT CAG GGG CCT GCC TCC AGC ACG TCG GCT GCC CGG ACC

 S A G T A A Q G P A S S T S A A R T
 Q P G P L L R G L P P A R R L P G P
 S R D R C S G A C L Q H V G C P D Q

 V A S R T G I K L R E L A K V P A V
 Y P R A P A S R * G S W P R * P L W
 T R G L P H R D E A A G P G K R S G

 TCA TGC CGG CTC GCC CAC GGC TAG AAG TCG GCG AGG TCC CGG AAA TGC CCT CGG
 6975 6984 6993 7002 7011 7020
 AGT ACG GCC GAG CGG GTG CCG ATC TTC AGC CGC TCC AGG GCC TTT ACG GGA GCC

 S T A E R V P I F S R S R A F T G A
 V R P S G C R S S A A P G P L R E P
 Y G R A G A D L Q P L Q G L Y G S H

 P I K R S R D T V A I V A H A P L A
 R S R V A A T P S P S * R M R P C R
 G P D * P Q P R H R R D G C A R A A

 TGG CCC TAG AAT GCC GAC GCC AGC CAC TGC CGC TAG TGG CGT ACG CGC CCG TCG
 7029 7038 7047 7056 7065 7074
 ACC GGG ATC TTA CGG CTG CGG TCG GTG ACG GCG ATC ACC GCA TGC GCG GGC AGC

 T G I L R L R S V T A I T A C A G S
 P G S Y G C G R * R R S P H A R A A
 R D L T A A V G D G D H R M R G Q R

 S A L S R L L A R W R S R P C R G K
 R R S R A C C P G G G A A R A G A R
 G V R A L A A P G A V P Q A P V Q G

 CGG CTG CGC TCG CTC GCG TCG TCC CGG GCG GTG GCC GAC GCG CCC GTG GAC GGG
 7083 7092 7101 7110 7119 7128
 GCC GAC GCG AGC GAG CGC AGC AGG GCC CGC CAC CGG CTG CGC GGG CAC CTG CCC

 A D A S E R S R A R H R L R G H L P
 P T R A S A A G P A T G C A G T C P
 R R E R A Q Q G P P P A A R A P A L

 G T R A S G Y P L D A L V V D P A S
 G L A H A G T R C T P W C S M P R P
 E W H T R E R V A P R G A R C R A R

 AAG GGT CAC GCA CGC GAG GGC ATG CCG TCC AGC CGG TCG TGC TGT AGC CCG CGC
 7137 7146 7155 7164 7173 7182
 TTC CCA GTG CGT GCG CTC CCG TAC GGC AGG TCG GCC AGC ACG ACA TCG GGC GCG

F P V R A L P Y G R S A S T T S G A
 S Q C V R S R T A G R P A R H R A R
 P S A C A P V R Q V G Q H D I G R G

 G A L V A S L A R P D F V D A T R I
 G P S S P P C R V R I S S T R P A S
 V R R P R R V A C A S R L R G R H P

 CTG GGC CGC TCC TGC CGC CTG TCG CGT GCG CCT AGC TTC TGC AGG CGC CAC GCC
 7191 7200 7209 7218 7227 7236
 GAC CCG GCG AGG ACG GCG GAC AGC GCA CGC GGA TCG AAG ACG TCC GCG GTG CGG

 D P A R T A D S A R G S K T S A V R
 T R R G R R T A H A D R R R P R C G
 P G E D G G Q R T R I E D V R G A D

 A C P L A G G E A T L R E R L R R A
 P A R C R V A R R R * A S G C G A P
 H R V A A C R G G G D P A G A A P P

 TAC CGC GTG CCG TCG CGT GGC GGG AGG CGG CAG TCC GCG AGG GCG TCG GCC GCC
 7245 7254 7263 7272 7281 7290
 ATG GCG CAC GGC AGC GCA CCG CCC TCC GCC GTC AGG CGC TCC CGC AGC CGG CGG

 M A H G S A P P S A V R R S R S R R
 W R T A A H R P P P S G A P A A G G
 G A R Q R T A L R R Q A L P Q P A G

 A Q A A E L Y S P K G F R E S Q E R
 P R R P R W I P P S A S V S A R S V
 R G A R G G S L L A Q R F A R E A *

 CGC CGG ACG CGC CGG AGG TCT ATC CTC CCG AAC GGC TTT GCG AGC GAG ACG AGT
 7299 7308 7317 7326 7335 7344
 GCG GCC TGC GCG GCC TCC AGA TAG GAG GGC TTG CCG AAA CGC TCG CTC TGC TCA

 A A C A A S R * E G L P K R S L C S
 R P A R P P D R R A C R N A R S A H
 G L R G L Q I G G L A E T L A L L T

 R E L E R A T L G A P S L L A L N K
 G N S S A R P * G P R R S C P S I R
 A T R A R A R D A R G A L A P R S E

 GCG GCA AGC TCG AGC GCG CGC CAG TCG GGC CGG CCG CTC TCG TCC CGC TCT AAG
 7353 7362 7371 7380 7389 7398
 CGC CGT TCG AGC TCG CGC GCG GTC AGC CCG GCC GGC GAG AGC AGG GCG AGA TTC

 R R S S S R A V S P A G E S R A R F
 A V R A R A R S A R P A R A G R D S
 P F E L A R G Q P G R R E Q G E I L

 A A L E L P A P D V D S A I V Q R L
 R R S S W R P P T W M P P S * R G C
 E G R A G A P R P G C R L R D G A A

 AAG CGG CGC TCG AGG TCG CCC CGC CCC AGG TGT AGC CTC CGC TAG TGG ACG GCG

7407	7416	7425	7434	7443	7452
TTC GCC GCG AGC	TCC AGC GGG GCG	GGG TCC ACA TCG	GAG GCG ATC ACC	TGC CGC	
F A A S S S G A G S T S E A I T C R	S P R A P A G R G P H R R S P A A	R R E L Q R G G V H I G G D H L P Q	S R R H L L G L V T L L Y G S G C C	R A G T C C G W C R * S T V A A A A	A L A P A A A G A G D P P L R Q R L
TCG CTC GCG GCC	ACG TCG TCG GGG	TCG TGG CAG TCC	TCC ATT GGC GAC	GGC GTC	
7461	7470	7479	7488	7497	7506
AGC GAG CGC CGG	TGC AGC AGC CCC	AGC ACC GTC AGG	AGG TAA CCG	CTG CCG	CAG
S E R R C S S P S T V R R *	P S A P S G N P L P Q	A S A G A A P A P S G G V T A A A A	P D W L T V P G D G P L R A L A R Q	R T G C R * R V T A P S A P S P G S	V P G V A D G S R R R P P P R P G A
GTG CCC AGG GTG	TCG CAG TGG CCT	GGC AGC GGC CCC	TCC GCC CGC TCC	CGG GCG	
7515	7524	7533	7542	7551	7560
CAC GGG TCC CAC	AGC GTC ACC GGA	CCG TCG CCG GGG	AGG CGG GCG	AGG GCC	CGC
H G S H S V T G P S P G R R A R A R	T G P T A S P D R R R G G G R G P A	R V P Q R H R T V A G E A G E G P L	F I E T A L R V P F A P Y G P A S H	S S R P R W A S P S P P T V R R P T	P L D R D G P P R P L R P L G A R L
ACC TTC TAG AGC	CAG CGG TCC GCC	TGC CCC TTC CGC	CCC ATT GGC CCG	CGC CTC	
7569	7578	7587	7596	7605	7614
TGG AAG ATC TCG	GTC GCC AGG CGG	ACG GGG AAG GCG	GGG TAA CCC	GGC GCG	GAG
W K I S V A R R T G K A G *	P G A E	G R S R S P G G R G R G G V T R R G V	L V V G C A L D S S D I R E V A H R	S C S V A P S I P V T S G S W P T A	P A R C R L R S R F Q R D A G R R P
ACC TCG TGC TGT	GGC GTC CGC TCT	AGC CTT GAC	AGC TAG GCG	AGG TGC	CGC ACC
7623	7632	7641	7650	7659	7668
TGG AGC ACG ACA	CCG CAG GCG	AGA TCG GAA	CTG TCG ATC	CGC TCC	ACG GCG TGG
W S T T P Q A R S E L S I R S T A W	G A R H R R R D R N C R S A P R R G	E H D T A G E I G T V D P L H G V A	Y A S (V) Q G S G L V E S G G G D C G	T R V * R D V G W Y K P V A E T A A	



Ra

P V C E G T W E G T S R F R R R R L

 GCC ATG CGT GAG TGG ACA GGT GAG GGG TCA TGA AGC CTT GGC GGA GGC AGC GTC
 7677 7686 7695 7704 7713 7722
 CGG TAC GCA CTC ACC TGT CCA CTC CCC AGT ACT TCG GAA CCG CCT CCG TCG CAG

 R Y A L T C P L P S T S E P P P S Q
 G T H S P V H S P V L R N R L R R S
 V R T H L S T P Q Y F G T A S V A A

 Q L S * L A A A G A P S A G L Q R R
 R F R D Y H R P G P R P L E W S G G
 G S A I M T G R G R G P F S G A A A

 GGG ACT TCG CTA GTA TCA CGG CGC CGG GGC CGG CCC CTT CGA GGG TCG ACG GCG
 7731 7740 7749 7758 7767 7776
 CCC TGA AGC GAT CAT AGT GCC GCG GCC CCG GCC GGG GAA GCT CCC AGC TGC CGC

 P * S D H S A A A P A G E A P S C R
 P E A I I V P R P R P G K L P A A A
 L K R S * C R G P G R G S S Q L P P

 V C L D G A G G P S D T T G P S A P
 S V C T V P A E P A T P R G L H L R
 P C V P * R R R R P Q R D D W T F G

 GCC TGT GTG TCC AGT GGC CGC GGA GGC CCC GAC AGC CAG CAG GGT CCA CTT CGG
 7785 7794 7803 7812 7821 7830
 CGG ACA CAC AGG TCA CCG GCG CCT CCG GGG CTG TCG GTC GTC CCA GGT GAA GCC

 R T H R S P A P P G L S V V P G E A
 G H T G H R R L R G C R S S Q V K P
 D T Q V T G A S G A V G R P R * S R

 R D A R D G G L D R L N E R I H G S
 A T P A T V A W I E S T K G F T G R
 P P R R P * R G F R Q P K G S H A G

 CCC GCC AGC CGC GCC AGT GGC GGG TTT AGA GAC TCC AAA AGG GCT TAC ACG GGG
 7839 7848 7857 7866 7875 7884
 GGG CGG TCG GCG CGG TCA CCG CCC AAA TCT CTG AGG TTT TCC CGA ATG TGC CCC

 G R S A R S P P K S L R F S R M C P
 G G R R G H R P N L * G F P E C A P
 A V G A V T A Q I S E V F P N V P R

 R R N G C E S A T T A L F P P G H G
 G V I A A S R H R L Q S S P R A M D
 V * S Q R V G I G Y N R P L A P W T

 CTG GAT GCT AAC GGC GTG AGG CTA CGG CAT CAA CGC TCC TTC CCG CCC GGT ACA
 7893 7902 7911 7920 7929 7938
 GAC CTA CGA TTG CCG CAC TCC GAT GCC GTA GTT GCG AGG AAG GGC GGG CCA TGT

 D L R L P H S D A V V A R K G G P C
 T Y D C R T P M P * L R G R A G H V
 P T I A A L R C R S C E E G R A (M) S

→

H E R P E * G S C T Q Q H G S P R A
M N G P N E A P V R R S T V P P A P
W T G P T R L R F V D A P S R L P P

GGT ACA AGG GCC CCA AGA GTC GGC CTT GTG CAG ACG ACC ACT GGC CTC CCC GCC
7947 7956 7965 7974 7983 7992
CCA TGT TCC CGG GGT TCT CAG CCG GAA CAC GTC TGC TGG TGA CCG GAG GGG CGG

P C S R G S Q P E H V C W * P E G R
H V P G V L S R N T S A G D R R G G
M F P G F S A G T R L L V T G G A G

E D A R V H D V G E Q L G P G L D G
K M P E C T T S A K R S A P A S T V
S * R S A R P R R R G P P R P R P *

CGA AGT AGC CGA GCG TGC ACC AGC TGC GGA AGG ACC TCC GGC CCC GGC TCC AGT
8001 8010 8019 8028 8037 8046
GCT TCA TCG GCT CGC ACG TGG TCG ACG CCT TCC TGG AGG CCG GGG CCG AGG TCA

A S S A R T W S T P S W R P G P R S
L H R L A R G R R L P G G R G R G H
F I G S H V V D A F L E A G A E V T

H Q V V Q G G T V R F T Q V W T R D
T S S S R V V P S G S R R S G R A T
R A P R G S W R H G P V D P G V H P

GGC ACG ACC TGC TGG ACT GGT GGC CAC TGG GCC TTG CAG ACC TGG GTG CAC GCC
8055 8064 8073 8082 8091 8100
CCG TGC TGG ACG ACC TGA CCA CCG GTG ACC CGG AAC GTC TGG ACC CAC GTG CGG

P C W T T * P P V T R N V W T H V R
R A G R P D H R * P G T S G P T C G
V L D D L T T G D P E R L D P R A V

D T A D V H G I G G G Q V L G H P R
M R R T S T V S A A A R S S A T R D
* G D R R R S R H R R G P R P R A T

AGT AGG CAG CGC AGC TGC ACT GGC TAC GGC GGC GGG ACC TGC TCC GGC ACG CCA
8109 8118 8127 8136 8145 8154
TCA TCC GTC GCG TCG ACG TGA CCG ATG CCG CCG CCC TGG ACG AGG CCG TGC GGT

S S V A S T * P M P P P W T R P C G
H P S R R R D R C R R P G R G R A V
I R R V D V T D A A A L D E A V R S

R A G V D D A M E R G L D V D P D R
A R G S T M Q W R A A W I S T R T E
P A G R R * R G D R P G S R R G P R

GCC GCG CGG GGC TGC AGT AGA CCG TAG AGC GCC GGG TCT AGC TGC AGG CCC AGA
8163 8172 8181 8190 8199 8208
CGG CGC GCG CCG ACG TCA TCT GCC ATC TCG CGG CCC AGA TCG ACG TCC GGG TCT

R R A P T S S A I S R P R S T S G S
G A P R R H L P S R G P D R R P G L
A R P D V I C H L A A Q I D V R V S

H G C R G D V R P D V D L A R D V H
T A V G A T S A R T L T S P V I L T
P P W V P R R R A P * R R P C S * R

GCC ACC GGT GTG GCC GGC AGC TGC GCG CCC AGT TGC AGC TCC CGT GCT AGT TGC
8217 8226 8235 8244 8253 8262
CGG TGG CCA CAC CGG CCG TCG ACG CGC GGG TCA ACG TCG AGG GCA CGA TCA ACG

R W P H R P S T R G S T S R A R S T
G G H T G R R R A G Q R R G H D Q R
V A T P A V D A R V N V E G T I N V

Q F R R V G D P R P D H E G G G A P
S S A A C A T P A R T T N A E V P P
A P L P A R R R P A P R T R R W R R

ACG ACC TTC GCC GCG TGC GGC AGC CCC GCG CCC AGC ACA AGC GGA GGT GGC CGC
8271 8280 8289 8298 8307 8316
TGC TGG AAG CGG CGC ACG CCG TCG GGG CGC GGG TCG TGT TCG CCT CCA CCG GCG

C W K R R T P S G R G S C S P P P A
A G S G A R R R G A G R V R L H R R
L E A A H A V G A R V V F A S T G G

R E V P F A N R D R R V L V R Q G P
A S * P S P T G T G V F S S V S G L
P A R R P L R E P G S S R P C A A W

CCC GCG AGA TGC CCC TTC CGC AAG GCC AGG GCT GCT TGC TCC TGT GCG ACG GGT
8325 8334 8343 8352 8361 8370
GGG CGC TCT ACG GGG AAG GCG TTC CGG TCC CGA CGA ACG AGG ACA CGC TGC CCA

G R S T G K A F R S R R T R T R C P
G A L R G R R S G P D E R G H A A Q
A L Y G E G V P V P T N E D T L P R

R P R G V A R G L V A R L L V D A Q
G P A G * P V A L Y Q A S F Y M P R
A P P A R R C P W T S R P S T C R G

CCG GCC CCC GCG GGA TGC CGT GCC GGT TCA TGA CGC GCC TCT TCA TGT AGC CGG
8379 8388 8397 8406 8415 8424
GGC CGG GGG CGC CCT ACG GCA CGG CCA AGT ACT GCG CGG AGA AGT ACA TCG GCC

G R G R P T A R P S T A R R S T S A
A G G A L R H G Q V L R G E V H R P
P G A P Y G T A K Y C A E K Y I G L

E V P Q V S G L V A H Q P E A V H V
N L R S C P V S C L T N R S P L T Y
T * G A A R F R A C R T A A R C R T

ACA AGT TGG CCG ACG TGC CTT GGC TCG TGT CGC ACA ACG CCG AGC CGT TGC ACA

8433	8442	8451	8460	8469	8478
TGT TCA ACC GGC	TGC ACG GAA CCG	AGC ACA GCG TGT	TGC GGC TCG GCA ACG	TGT	
C S T G	C T E P	S T A C	C G S A	T C	
V Q P A	A R N R	A Q R V	A A R Q	R R V	
F N R L	H G T E	H S V L	R L G N	V Y	
P G P L	A R A T	L R A D	D G D V	A P	
P G R C	L G P P	S A P T	M A M *	Q P	
R A G A	S G P R	H P P R	* R W R	S R	
TGC CCG GGG CCG	TCT CGG GCC CGC	CAC TCC GCC CGC	AGT AGC GGT AGA	TGA CGC	
8487	8496	8505	8514	8523	8532
ACG GGC CCC GGC	AGA GCC CGG GCG	GTG AGG CGG GCG	TCA TCG CCA TCT	ACT GCG	
T G P G	R A R A	V R R A	S S P S	T A	
R A P A	E P G R	* G G R	H R H L	L R	
G P R Q	S P G G	E A G V	I A I Y	C G	
Q G G L	A S H G	R H E A	V T R L	G T	
S A E S	P P T G	V T N P	S P E C	V R	
A P R R	P R L A	W P T R	R R N A	S G	
CCG ACC GGA GGC	TCC CGC CTC ACG	GGT GCC ACA AGC	CGC TGC CAA GCG	TCT GGG	
8541	8550	8559	8568	8577	8586
GGC TGG CCT CCG	AGG GCG GAG TGC	CCA CGG TGT TCG	GCG ACG GTT CGC	AGA CCC	
G W P P	R A E C	P R C S	A T V R	R P	
A G L R	G R S A	H G V R	R R F A	D P	
L A S E	G G V P	T V F G	D G S Q	T R	
V V H V	D A V D	G R R E	D R R V	A G	
S * T Y	T P S T	A A A N	T A G Y	P V	
H S R T	R R R R	R R P T	R R A T	R C	
CAC TGA TGC ACA	TGC AGC CGC TGC	AGC GGC GCC GCA	AGC AGC GCG GCA	TGC CGT	
8595	8604	8613	8622	8631	8640
GTG ACT ACG TGT	ACG TCG GCG ACG	TCG CCG CGG CGT	TCG TCG CGC CGT	ACG GCA	
V T T C	T S A T	S P R R	S S R R	T A	
* L R V	R R R R	R R G V	R R A V	R H	
D Y V Y	V G D V	A A A F	V A P Y	G T	
D A R R	R S C R	V R A L	P A R H	Q L	
T P G A	D P V D	S V P L	P L V T	S S	
R R G P	T Q F M	P C P C	P S C P	A P	
GGC AGC CGG GCC	GCA GAC CTT GTA	GCC TGT GCC CGT	TCC CCT CGT GCC	ACG ACC	
8649	8658	8667	8676	8685	8694
CCG TCG GCC CGG	CGT CTG GAA CAT	CGG ACA CGG GCA	AGG GGA GCA CGG	TGC TGG	
P S A R	R L E H	R T R A	R G A R	C W	
R R P G	V W N I	G H G Q	G G E H	G A G	
V G P A	S G T S	D T G K	G S T V	L E	
D E V V	D G G G	G P A V	Q R G T	E R	
T R S W	M A A A	E P R S	R G G R	K A	

P G R G C R R R R A R G A E G N R

TCC AGG AGC TGG TGT AGC GGC GGC GGA GGC CCG CGC TGG ACG GAG GGG CAA AGC
8703 8712 8721 8730 8739 8748
AGG TCC TCG ACC ACA TCG CCG CCG CCT CCG GGC GCG ACC TGC CTC CCC GTT TCG

R S S T T S P P P P G A T C L P V S
G P R P H R R R L R A R P A S P F R
V L D H I A A A S G R D L P P R F A

G A P R A L D L V A G Q V D S T D G
G R R G P S I W C L V R S T V R T A
A G G A P R S G A C C G P R * E H R

GCG GGG CGG CCG GCC CGC TCT AGG TCG TGT CGT GGG ACC TGC AGT GAG CAC AGC
8757 8766 8775 8784 8793 8802
CGC CCC GCC GGC CGG GCG AGA TCC AGC ACA GCA CCC TGG ACG TCA CTC GTG TCG

R P A G R A R S S T A P W T S L V S
A P P A G R D P A Q H P G R H S C R
P R R P G E I Q H S T L D V T R V A

G I Q A P G R G D R Q L F A D G G G
A S R P Q V A D T G S S F P M A A V
R R D P S S R T R G A P S L C R R W

GGC GGC TAG ACC CGA CCT GGC GCA GGC AGG GCG ACC TCT TTC CGT AGC GGC GGT
8811 8820 8829 8838 8847 8856
CCG CCG ATC TGG GCT GGA CCG CGT CCG TCC CGC TGG AGA AAG GCA TCG CCG CCA

P P I W A G P R P S R W R K A S P P
R R S G L D R V R P A G E R H R R H
A D L G W T A S V P L E K G I A A T

V G P D T G T R G D P L L C S * S A
* A Q T R E P E G T R C C A H S V Q
R R R P G N R N A R G A A P M V L K

GGA TGC GGA CCC AGG CAA GGC CAA GCG GGC AGG CCG TCG TCC GTA CTG ATT GAA
8865 8874 8883 8892 8901 8910
CCT ACG CCT GGG TCC GTT CCG GTT CGC CCG TCC GGC AGC AGG CAT GAC TAA CTT

P T P G S V P V R P S G S R H D * L
L R L G P F R F A R P A A G M T N L
Y A W V R S G S P V R Q Q A * L T C

C A C C S D T A S A S R P P P G T C
A P A A P T R P R R R D R H R G R V
R L R L L L G H G V G I A T A A G Y

CGC GTC CGC GTC GTC CTC AGG CAC CGG CTG CGG CTA GCG CCA CCG CCG GGC CAT
8919 8928 8937 8946 8955 8964
GCG CAG GCG CAG CAG GAG TCC GTG GCC GAC GCC GAT CGC GGT GGC GGC CCC GTA

A Q A Q Q E S V A D A D R G G G P V
R R R S R S P W P T P I A V A A P Y
A G A A G V R G R R R S R W R P R T

A	S	C	C	H	H	A	A	R	S	R	R	P	A	T	G	P	*
R	L	V	A	T	T	H	L	A	V	G	A	R	H	P	A	P	D
V	C	F	L	L	P	T	C	R	S	E	P	A	T	R	H	R	T

GTG	CGT	CTT	GTC	GTC	ACC	ACA	CGT	CGC	GCT	GAG	GCC	GCG	CCA	CGC	CAC	GGC	CCA
	8973				8982			8991			9000			9009			9018
CAC	GCA	GAA	CAG	CAG	TGG	TGT	GCA	GCG	CGA	CTC	CGG	CGC	GGT	GCG	GTG	CCG	GGT

H	A	E	Q	Q	W	C	A	A	R	L	R	R	G	A	V	P	G
T	Q	N	S	S	G	V	Q	R	D	S	G	A	V	R	C	R	V
R	R	T	A	V	V	C	S	A	T	P	A	R	C	G	A	G	S

S	R	A	S	D	R	R	R	S	T	G	D	R	R	R	V	C	G
A	G	Q	P	T	G	G	G	V	P	A	T	A	G	G	F	A	G
L	E	K	R	L	G	A	A	S	Q	H	R	R	A	E	S	R	V

GTC	GAG	GAA	CGC	CTC	AGG	GCG	GCG	GCT	GAC	CAC	GGC	AGC	GCG	GAG	GCT	TGC	GTG
	9027				9036			9045			9054			9063			9072
CAG	CTC	CTT	GCG	GAG	TCC	CGC	CGC	CGA	CTG	GTG	CCG	TCG	CGC	CTC	CGA	ACG	CAC

Q	L	L	A	E	S	R	R	R	L	V	P	S	R	L	R	T	H
S	S	L	R	S	P	A	A	D	W	C	R	R	A	S	E	R	T
A	P	C	G	V	P	P	P	T	G	A	V	A	P	P	N	A	P

A	L	L	G	P	A	P	P	L	P	P	H	A	P	R	P	R	C
Q	W	Y	A	R	R	L	L	Y	R	L	T	L	R	G	P	D	V
R	G	T	P	G	A	C	S	T	A	S	P	S	G	A	P	T	S

GGA	CGG	TCA	TCC	GGG	CCG	CGT	CCT	CCA	TCG	CCT	CCC	ACT	CGG	CCG	GCC	CCA	GCT
	9081				9090			9099			9108			9117			9126
CCT	GCC	AGT	AGG	CCC	GGC	GCA	GGA	GGT	AGC	GGA	GGG	TGA	GCC	GGC	CGG	GGT	CGA

P	A	S	R	P	G	A	G	G	S	G	G	*	A	G	R	G	R
L	P	V	G	P	A	Q	E	V	A	E	G	*	E	P	A	G	V
C	Q	*	A	R	R	R	R	*	R	R	V	S	R	P	G	S	T

R	P	R	G	R	A	R	A	A	P	L	E	R	A	G	A	E	K
D	H	V	V	A	H	E	P	L	L	C	S	A	R	V	R	R	R
M	T	S	S	R	T	S	P	C	C	A	A	R	A	C	G	G	G

GTA	GCA	CCT	GCT	GGC	GCA	CGA	GCC	CGT	CGT	CCG	TCG	AGC	GCG	CGT	GGG	CGG	AGG
	9135				9144			9153			9162			9171			9180
CAT	CGT	GGA	CGA	CCG	CGT	GCT	CGG	GCA	GCA	GGC	AGC	TCG	CGC	GCA	CCC	GCC	TCC

H	R	G	R	P	R	A	R	A	A	G	S	S	R	A	P	A	S
I	V	D	D	R	V	L	G	Q	Q	A	A	R	A	H	P	P	P
S	W	T	T	A	C	S	G	S	R	Q	L	A	R	T	R	L	L

M	L	A	I	F	S	T	D	E	G	S	Q	L	N	V	G	T	R
*	*	R	S	S	P	P	T	R	V	P	S	C	T	S	A	P	A
E	D	A	R	H	L	L	H	G	*	R	V	A	P	Q	R	R	H

AAG	TAG	TCG	CGC	TAC	TTC	CTC	CAC	AGG	AGT	GGC	CTG	ACG	TCC	AAC	TGC	GGC	CAC
	9189				9198			9207			9216			9225			9234
TTC	ATC	AGC	GCG	ATG	AAG	GAG	GTG	TCC	TCA	CCG	GAC	TGC	AGG	TTG	ACG	CCG	GTG

F I S A M K E V S S P D C R L T P V
 S S A R * R R C P H R T A G * R R C
 H Q R D E G G V L T G L Q V D A G A

 S L D L D F T L G Q R R A F D A D V
 A * T W T S P S A R A A R S T P T S
 P E P G P R L H P G P P A R L R R R

 GCC GAG TCC AGG TCC AGC TTC CAC TCC GGG ACC GCC GCG CGC TTC AGC CGC AGC
 9243 9252 9261 9270 9279 9288
 CGG CTC AGG TCC AGG TCG AAG GTG AGG CCC TGG CGG CGC GCG AAG TCG GCG TCG

 R L R S R S K V R P W R R A K S A S
 G S G P G R R * G P G G A R S R R R
 A Q V Q V E G E A L A A R E V G V D

 G M C A G W I K I D G R D R H W G V
 A W A P A G S R S T G A T A T G A S
 R G H L R G L D Q H G R P R P A L R

 TGC GGG TAC GTC CGC GGG GTC TAG AAC TAC AGG GGC GCC AGC GCC ACG GTC GGC
 9297 9306 9315 9324 9333 9342
 ACG CCC ATG CAG GCG CCC CAG ATC TTG ATG TCC CCG CGG TCG CGG TGC CAG CCG

 T P M Q A P Q I L M S P R S R C Q P
 R P C R R P R S * C P R G R G A S R
 A H A G A P D L D V P A V A V P A D

 L H F Q G S S L F W P L R R L E R P
 S T S S G R P C S G P C G A S S E R
 R P P V A G L V P V L A A P P A R A

 TGC TCC ACC TTG ACG GGG CTC CTG TCC TTG GTC CCG TCG GCC GCC TCG AGA GCG
 9351 9360 9369 9378 9387 9396
 ACG AGG TGG AAC TGC CCC GAG GAC AGG AAC CAG GGC AGC CGG CGG AGC TCT CGC

 T R W N C P E D R N Q G S R R S S R
 R G G T A P R T G T R A A G G A L A
 E V E L P R G Q E P G Q P A E L S R

 P R L R A G V V H A G A R F A A R V
 R D C G R V S W T R G P A S R P A S
 A T A A A C R G R A G R R P V R R P

 CCG CCA GCG TCG GCG CGT GGC TGG TGC ACG CGG GGC CGC GCC TTG CGC CGC GCC
 9405 9414 9423 9432 9441 9450
 GGC GGT CGC AGC CGC GCA CCG ACC ACG TGC GCC CCG GCG CGG AAC GCG GCG CGG

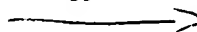
 G G R S R A P T T C A P A R N A A R
 A V A A A H R P R A P R R G T R R G
 R S Q P R T D H V R P G A E R G A D

 A D V A S A E L R V D D D V F L V H
 P T W P P P R W G C T T T W S C C T
 R R G R R L G G A A R R R G R V A R

 TGC CGC AGG TGC CGC CTC CGG AGG TCG GCG TGC AGC AGC AGG TGC TTG TCG TGC

9459	9468	9477	9486	9495	9504
ACG GCG TCC	ACG GCG GAG GCC	TCC AGC CGC	ACG TCG TCG	TCC ACG AAC	AGC ACG
T A S	T A E A S	S R T S S	S T N S T		
R R P	R R P P A	A R R R P	R T A R		
G V H	G G G L Q	P H V V V	H E Q H V		
R D A	W E R L V	T N R S A	S L G R T		
G T P	G N G C C	R T V P R	R C G E R		
A P R	G M G A A	G H * P V	G V A R A		
ACG GCC AGC	CGG GTA AGG	GCG TCG TGG	CAC AAT GCC	CTG CGG CTG	TCG GGA GCG
9513	9522	9531	9540	9549	9558
TGC CGG TCG	GCC CAT TCC	CGC AGC ACC	GTG TTA CGG	GAC GCC GAC	AGC CCT CGC
C R S	A H S R S	T V L R D	A D S P R		
A G R	P I P A A	P C Y G T	P T A L A		
P V G	P F P Q H	R V T G R	R R Q P S		
A G L	I R M T G	G A E N V	Q T A V K		
P G W	S G C R G	G P R T *	R P P S R		
H G G	P D A D D	G R G R E	G P H R G		
CAC CGG GGG	TCC TAG GCG	TAG CAG GGG	GGC CGG AGC	AAG TGG ACC	CAC CGC TGG
9567	9576	9585	9594	9603	9612
GTG GCC CCC	AGG ATC CGC	ATC GTC CCC	CCG GCC TCG	TTC ACC TGG	GTG GCG ACC
V A P	R I R I V	P P A S F	T W V A T		
W P P	G S A S S	P R P R S	P G W R P		
G P Q	D P H R P	P P G L V	H L G G D		
E A E	P T V P R	D L L V V	Y E D G N		
R P R	L H * R G	T W C C S	T N T V T		
E R G	* T D G A	P G A A R	R R I R *		
AAG AGC CGG	AGT CCA CAG	TGG CCG GCC	AGG TCG TCG	TGC TGC ATA	AGC AGT GGC
9621	9630	9639	9648	9657	9666
TTC TCG GCC	TCA GGT GTC	ACC GGC CGG	TCC AGC AGC	ACG ACG TAT	TCG TCA CCG
F S A	S G V T G	R S S S T	T T Y S S		
S R P	Q V S P A	G P A A R	R R I R H		
L G L	R C H R P	V Q Q H D	V F V T V		
L Q D	L N H R L	H R R V N	E L R F A		
* S T	S T T G C	I G A S T	R W V S P		
E V P	R P Q A A	S A P P R	E G S P L		
AAG TTG ACC	AGC TCC AAC	ACG GCG TCT	ACG GCC GCC	TGC AAG AGG	TCT GCC TTC
9675	9684	9693	9702	9711	9720
TTC AAC TGG	TCG AGG TTG	TGC CGC AGA	TGC CGG CGG	ACG TTC TCC	AGA CGG AAG
F N W	S R L C R	R C R R T	F S R R K		
S T G	R G C A A	D A G G R	S P D G R		
Q L V	E V V P Q	M P A D V	L Q T E G		
C V A	V V (M) P	R R G P T	N R D A T		
V S R	W W W Q	V G G P P	T G T R L		

C	L	G	G	G	G	N	S	A	A	R	P	H	E	P	G	C	D
CGT	GTC	TGG	CGG	TGG	TGG	TAA	CCT	GCG	GCG	GGC	CCC	CAC	AAG	GCC	AGG	CGT	CAG
	9729				9738			9747			9756			9765			9774
GCA	CAG	ACC	GCC	ACC	ACC	ATT	GGA	CGC	CGC	CCG	GGG	GTG	TTC	CGG	TCC	GCA	GTC
A	Q	T	A	T	T	I	G	R	R	P	G	V	F	R	S	A	V
H	R	P	P	P	P	L	D	A	A	R	G	C	S	G	P	Q	S
T	D	R	H	H	H	W	T	P	P	G	G	V	P	V	R	S	L
K	K	D	V	T	V	G	T	H	S	R	E	A	P	P	P	V	R
K	R	T	W	L	*	E	L	I	A	A	N	R	R	R	P	C	E
R	E	Q	G	C	D	S	W	Y	P	Q	T	G	G	A	P	A	S
AGA	AAG	AAC	AGG	TGT	CAG	TGA	GGT	CAT	ACC	GAC	GCA	AGG	CGG	CCG	CCC	CCG	TGA
	9783				9792			9801			9810			9819			9828
TCT	TTC	TTG	TCC	ACA	GTC	ACT	CCA	GTA	TGG	CTG	CGT	TCC	GCC	GGC	GGG	GGC	ACT
S	F	L	S	T	V	T	P	V	W	L	R	S	A	G	G	G	T
L	S	C	P	Q	S	L	Q	Y	G	C	V	P	P	A	G	A	L
F	L	V	H	S	H	S	S	M	A	A	F	R	R	R	G	H	S
S	H	*	D	D	N	M	T	R	V	A	K	*	S	I	H	*	L
R	T	D	T	T	M	*	R	V	F	Q	K	R	L	F	T	S	F
A	L	T	L	R	*	E	D	Y	S	S	S	E	L	F	H	A	L
GCG	CTC	ACA	GTC	AGC	AGT	AAG	TAG	CAT	GCT	TGA	CGA	AAG	ATT	CTT	TAC	ACG	ATT
	9837				9846			9855			9864			9873			9882
CGC	GAG	TGT	CAG	TCG	TCA	TTC	ATC	GTA	CGA	ACT	GCT	TTC	TAA	GAA	ATG	TGC	TAA
R	E	C	Q	S	S	F	I	V	R	T	A	F	*	E	M	C	*
A	S	V	S	R	H	S	S	Y	E	L	L	S	K	K	C	A	K
R	V	S	V	V	I	H	R	T	N	C	F	L	R	N	V	L	K
I	P	P	E	S	R	M	P	A	T	L	R	S	A	D	A	*	W
F	R	R	S	R	G	C	Q	R	Q	*	D	R	L	T	P	R	G
S	D	A	A	G	V	A	N	A	S	N	T	E	F	R	R	G	V
TCT	TAG	CCG	CCG	AGG	CTG	GCG	TAA	CCG	CGA	CAA	TCA	GAG	CTT	CGC	AGC	CGG	ATG
	9891				9900			9909			9918			9927			9936
AGA	ATC	GGC	GGC	TCC	GAC	CGC	ATT	GGC	GCT	GTT	AGT	CTC	GAA	GCG	TCG	GCC	TAC
R	I	G	G	S	D	R	I	G	A	V	S	L	E	A	S	A	Y
E	S	A	A	P	T	A	L	A	L	L	V	S	K	R	R	P	T
N	R	R	L	R	P	H	W	R	C	*	S	R	S	V	G	L	P
F	S	Q	V	P	S	P	H	Q	F	C	P	A	E	N	P	R	I
S	R	S	S	L	H	P	I	N	S	A	P	R	R	M	R	A	F
L	V	V	P	C	T	L	S	T	P	L	L	A	G	*	E	P	S
GTC	TTG	CTG	ACC	TGT	CCA	CTC	CCT	ACA	ACC	TTC	GTC	CCG	CGG	AGT	AAG	CCC	GCT
	9945				9954			9963			9972			9981			9990
CAG	AAC	GAC	TGG	ACA	GGT	GAG	GGA	TGT	TGG	AAG	CAG	GGC	GCC	TCA	TTC	GGG	CGA
Q	N	D	W	T	G	E	G	C	W	K	Q	G	A	S	F	G	R
R	T	T	G	Q	V	R	D	V	G	S	R	A	P	H	S	G	E
E	R	L	D	R	*	G	(M)	L	E	A	G	R	L	I	R	A	N



XC

V R H Q G I A A G D G E L L D V T S
S G T S V * R P A T E R W S T S P P
H G P A S R D R R R R G G P P R R H

TAC TGG GCC ACG ACT GGA TAG CGC CGC GGC AGA GGG AGG TCC TCC AGC TGC CAC
9999 10008 10017 10026 10035 10044
ATG ACC CGG TGC TGA CCT ATC GCG GCG CCG TCT CCC TCC AGG AGG TCG ACG GTG

M T R C * P I A A P S P S R R S T V
* P G A D L S R R R L P P G G R R W
D P V L T Y R G A V S L Q E V D G G

Y R G P S Y R K L F P V Q E K G L A
I A G Q R I G K * S R C R N K G S P
F L A R A F V K E P V A G T R E R P

CTT ATC GCG GGA CCG CTT ATG GAA AAG TCC TTG CCG TGG ACA AGA AAG GGC TCC
10053 10062 10071 10080 10089 10098
GAA TAG CGC CCT GGC GAA TAC CTT TTC AGG AAC GGC ACC TGT TCT TTC CCG AGG

E * R P G E Y L F R N G T C S F P R
N S A L A N T F S G T A P V L S R G
I A P W R I P F Q E R H L F F P E G

A H S A G R H R R P H P D S E P G V
P T P R A A I G V P T R T V K R V S
R R P V R R S A S P P A P * K G S R

CGC CGC ACC CTG CGC GGC GCT ACG GCT GCC CCC ACG CCC AGT GAA AGG CCT GGC
10107 10116 10125 10134 10143 10152
GCG GCG TGG GAC GCG CCG CGA TGC CGA CGG GGG TGC GGG TCA CTT TCC GGA CCG

A A W D A P R C R R G C G S L S G P
R R G T R R D A D G G A G H F P D R
G V G R A A M P T G V R V T F R T D

G L P E C E P V R G T R G G L H R A
A S P S A N R Y A A R G A G S I G P
R R P A R M G T R P G D Q G R S A P

TGC GGC TCC CCG AGC GTA AGG CCA TGC GCC GGG CAG GAC GGG GGC TCT ACG GCC
10161 10170 10179 10188 10197 10206
ACG CCG AGG GGC TCG CAT TCC GGT ACG CGG CCC GTC CTG CCC CCG AGA TGC CGG

T P R G S H S G T R P V L P P R C R
R R G A R I P V R G P S C P R D A G
A E G L A F R Y A A R P A P E M P G

R G L R R V D V Y S H V A L R D G A
G G S V A C T S T R T S P L G T A L
G A R S P A R R R V L P R C A P R W

CGG GCG GGC TCT GCC GCG TGC AGC TGC ATG CTC ACC TGC CGT TCG GCC AGC GGT
10215 10224 10233 10242 10251 10260
GCC CGC CCG AGA CGG CGC ACG TCG ACG TAC GAG TGG ACG GCA AGC CGG TCG CCA

A R P R R R T S T Y E W T A S R S P
 P A R D G A R R R T S G R Q A G R Q
 P P E T A H V D V R V D G K P V A S

 E G Q H G V P L D V R A P D P C Q R
 R G R T V S R S T W V H R T P A S G
 G G G P S R G P P G C T G P R P V A

 CGG AGG GGG ACC ACT GGC TGG CCC TCC AGG TGT GCA CGG CCC AGC CCC GTG ACG
 10269 10278 10287 10296 10305 10314
 GCC TCC CCC TGG TGA CCG ACC GGG AGG TCC ACA CGT GCC GGG TCG GGG CAC TGC

 A S P W * P T G R S T R A G S G H C
 P P P G D R P G G P H V P G R G T A
 L P L V T D R E V H T C R V G A L P

 A A A V A K H L Q P Q G A Q V L E D
 P P L S R R T S S H S G P R F W N T
 P R C R G G Q P A T A A R G S G T R

 GCC CGC CGT CGC TGG CGG AAC ACC TCG ACA CCG ACG GGC CGG ACT TGG TCA AGC
 10323 10332 10341 10350 10359 10368
 CGG GCG GCA GCG ACC GCC TTG TGG AGC TGT GGC TGC CCG GCC TGA ACC AGT TCG

 R A A A T A L W S C G C P A * T S S
 G R Q R P P C G A V A A R P E P V R
 G G S D R L V E L W L P G L N Q F V

 Q V A H L * R C A G L H A P V G M G
 R C P T S N G A P A S T P R S V W V
 G A R R P T V P L R R P P G P C G Y

 AGG ACG TGC CGC ACC TCA ATG GCC GTC CGC GGC TCC ACC CGG CCC TGT GGG TAT
 10377 10386 10395 10404 10413 10422
 TCC TGC ACG GCG TGG AGT TAC CGG CAG GCG CCG AGG TGG GCC GGG ACA CCC ATA

 S C T A W S Y R Q A P R W A G T P I
 P A R R G V T G R R R G G P G H P Y
 L H G V E L P A G A E V G R D T H T

 R G A P D V V P G G L R L A S P R Q
 A G R Q T W * P A E S D C P L P A S
 R A G S P G S R P R R T A P C L P A

 GGC GCG GGG CGA CCC AGG TGA TGC CCC GGA GGC TCA GCG TCC CGT CTC CCC GCG
 10431 10440 10449 10458 10467 10476
 CCG CGC CCC GCT GGG TCC ACT ACG GGG CCT CCG AGT CGC AGG GCA GAG GGG CGC

 P R P A G S T T G P P S R R A E G R
 R A P L G P L R G L R V A G Q R G A
 A P R W V H Y G A S E S Q G R G A L

 R G G P V P G R G D G G F E P Q V Q
 D G V R F Q V A V T A V S S P S S R
 T A W G S S S R S R R W R V R A P G

 ACA GCG GGT GGG CCT TGA CCT GGC GCT GGC AGC GGT GGC TTG AGC CCG ACC TGG

10485	10494	10503	10512	10521	10530
TGT CGC CCA CCC GGA ACT GGA CCG CGA CCG TCG CCA CCG AAC TCG GGC TGG ACC					
C R P P G T G P R P S P P N S G W T					
V A H P E L D R D R R H R T R A G P					
S P T R N W T A T V A T E L G L D L					
G R Q R D P R A A V E L R E E R G Q					
V E S A I P A P Q * R W G S K A V R					
S R A P S R P P S S G G A A R R S G					
ACT GGA GCG ACC GCT AGC CCC GCC CGA CGA TGG AGG TCG GCG AGA AGC GCT GGG					
10539 10548 10557 10566 10575 10584					
TGA CCT CGC TGG CGA TCG GGG CGG GCT GCT ACC TCC AGC CGC TCT TCG CGA CCC					
* P R W R S G R A A T S S R S S R P					
D L A G D R G G L L P P A A L R D P					
T S L A I G A G C Y L Q P L F A T L					
E A V Q G G I Q D R A H D A H V D I					
S R S R G A S R I V H M T P M F M *					
A G R G A R R D S * T C P R C S C R					
ACG AGG CGC TGG ACG GGC GGC TAG ACT AGT GCA CGT ACC AGC CGT ACT TGT AGA					
10593 10602 10611 10620 10629 10638					
TGC TCC GCG ACC TGC CCG CCG ATC TGA TCA CGT GCA TGG TCG GCA TGA ACA TCT					
C S A T C P P I * S R A W S A * T S					
A P R P A R R S D H V H G R H E H L					
L R D L P A D L I T C M V G M N I Y					
A R T G Q V L E G V P R V Q D P Q D					
P A R A R F W N V * R G F R T P S T					
H R A H G S G T * R G A S G P R A P					
TAC CGC GCG CAC GGG ACT TGG TCA AGT GGA TGG CCG GCT TGG ACC AGC CCG ACC					
10647 10656 10665 10674 10683 10692					
ATG GCG CGC GTG CCC TGA ACC AGT TCA CCT ACC GGC CGA ACC TGG TCG GGC TGG					
M A R V P * T S S P T G R T W S G W					
W R A C P E P V H L P A E P G R A G					
G A R A L N Q F T Y R P N L V G L V					
P D D P L S V G R G R Q D D R G V V					
R I M R S R C G E V G S T M A D W W					
G S * G P A V G R S G A P * R T G G					
AGG CCT AGT AGG CCC TCG CTG TGG GGA GCT GGG GCG ACC AGT AGC GCA GGG TGG					
10701 10710 10719 10728 10737 10746					
TCC GGA TCA TCC GGG AGC GAC ACC CCT CGA CCC CGC TGG TCA TCG CGT CCC ACC					
S G S S G S D T P R P R W S S R P T					
P D H P G A T P L D P A G H R V P P					
R I I R E R H P S T P L V I A S H H					
V R G P V V R Q F S V A V Q G Q R L					
* E G Q C S G S S P S P * R D K V S					

S S A R A R G A P L L R S G T R S P
TGA TGA GCG GGA CCG TGC TGG GCG ACC TTC CTC TGC CGA TGG ACA GGA ACT GCC
10755 10764 10773 10782 10791 10800
ACT ACT CGC CCT GGC ACG ACC CGC TGG AAG GAG ACG GCT ACC TGT CCT TGA CGG
T T R P G T T R W K E T A T C P * R
L L A L A R P A G R R R L P V L D G
Y S P W H D P L E G D G Y L S L T E
D P L L G T L H D I Q Q A R V A V L
T R S C V R S T T S R S R A S P S S
P G P A S G H P P R D A A R P R R R
TCC AGG CCC TCG TCT GGG CAC TCC ACC AGC TAG ACG ACG CGC GCC TGC CGC TGC
10809 10818 10827 10836 10845 10854
AGG TCC GGG AGC AGA CCC GTG AGG TGG TCG ATC TGC TGC GCG CGG ACG GCG ACG
R S G S R P V R W S I C C A R T A T
G P G A D P * G G R S A A R G R R R
V R E Q T R E V V D L L R A D G D E
V D V V D V A R A E G A G F G G V Q
F T W * T W P G L R A P G S V A W R
S R G S R G R G S G R R G R F R G G
TCT TGC AGG TGA TGC AGG TGC CGG GCT CGG AGC GGC CGG GGC TTT GGC GGG TGG
10863 10872 10881 10890 10899 10908
AGA ACG TCC ACT ACG TCC ACG GCC CGA GCC TCG CCG GCC CCG AAA CCG CCC ACC
R T S T T S T A R A S P A P K P P T
E R P L R P R P E P R R P R N R P P
N V H Y V H G P S L A G P E T A H L
V D L R P V G I R Q V E V L L P V V
Y T S G R Y V S G S C K L W S P C S
T R R A A T C R D A A S * G P P A R
ACA TGC AGC TCG GCG CCA TGT GGC TAG GCG ACG TGA AGT TGG TCC TCC CCG TGC
10917 10926 10935 10944 10953 10962
TGT ACG TCG AGC CGC GGT ACA CCG ATC CGC TGC ACT TCA ACC AGG AGG GGC ACG
C T S S R G T P I R C T S T R R G T
V R R A A V H R S A A L Q P G G A R
Y V E P R Y T D P L H F N Q E G H D
Q Q R G S E L P L E H L Q H R V Q H
R S A A A K W R F S T S S T G S R T
G A P P R K G A S A R P A P A P G P
TGG ACG ACC GCC GGC GAA AGG TCG CCT TCG AGC ACC TCG ACC ACG GCC TGG ACC
10971 10980 10989 10998 11007 11016
ACC TGC TGG CGG CCG CTT TCC AGC GGA AGC TCG TGG AGC TGG TGC CGG ACC TGG
T C W R P L S S G S S W S W C R T W
P A G G R F P A E A R G A G A G P G
L L A A A F Q R K L V E L V P D L V

P G S E R V R G A L C Q P D L F G R
 R D Q S G S E G R L A S R I * S G A
 A T R V G P S E G C P V A S R P V R

 ACG CCA GGA CTG AGG GCC TGA GAG GGG CGT TCC GTG ACG CCT AGA TCC TTG GGC
 11025 11034 11043 11052 11061 11070
 TGC GGT CCT GAC TCC CGG ACT CTC CCC GCA AGG CAC TGC GGA TCT AGG AAC CCG

 C G P D S R T L P A R H C G S R N P
 A V L T P G L S P Q G T A D L G T R
 R S * L P D S P R K A L R I * E P A

 V Y R T S P R I G R C R R H T R S A
 S T D P P H D S G E A D G I H G P L
 P R I P H I T P D R Q M A S T D P F

 GCC TGC ATA GCC CAC CTA CCA GCC TAG GGA GAC GTA GCG GCT ACA CAG GCC CTT
 11079 11088 11097 11106 11115 11124
 CGG ACG TAT CGG GTG GAT GGT CGG ATC CCT CTG CAT CGC CGA TGT GTC CGG GAA

 R T Y R V D G R I P L H R R C V R E
 G R I G W M V G S L C I A D V S G K
 D V S G G W S D P S A S P M C P G S

 R P R L C G T R G S S P I R G R A E
 G H A F A V L G A Q L R S E V G L K
 G T P S P L W D P R F V P N S G S S

 CGG GCA CCC GCT TCC GTT GGT CAG GCC GGA CTT CTG CCC TAA GCT GGG GCT CGA
 11133 11142 11151 11160 11169 11178
 GCC CGT GGG CGA AGG CAA CCA GTC CGG CCT GAA GAC GGG ATT CGA CCC CGA GCT

 A R G R R Q P V R P E D G I R P R A
 P V G E G N Q S G L K T G F D P E L
 P W A K A T S P A * R R D S T P S F

 G T D P G Y S G Q R H A R H G R A A
 A L I Q A M H A K V T R E T V G L L
 R W Y R P W I L R S P A S P S G S C

 AGC GGT CAT AGA CCC GGT ATA CTC GGA ACT GCC ACG CGA GCC ACT GGG GCT CGT
 11187 11196 11205 11214 11223 11232
 TCG CCA GTA TCT GGG CCA TAT GAG CCT TGA CGG TGC GCT CGG TGA CCC CGA GCA

 S P V S G P Y E P * R C A R * P R A
 R Q Y L G H M S L D G A L G D P E Q
 A S I W A I * A L T V R S V T P S S

 R R D * P Q L L R P E A P P L G P A
 A A I E R N S Y G H S L L L F V Q L
 R P S R V T P T A T A * C S S S R S

 CGC GCC GCT AGA GTG CCA ACC TCA TCG GCA CCG AGT CGT CCT CCT TCT GGA CCT
 11241 11250 11259 11268 11277 11286
 GCG CGG CGA TCT CAC GGT TGG AGT AGC CGT GGC TCA GCA GGA GGA AGA CCT GGA

A R R S H G W S S R G S A G G R P G
 R G D L T V G V A V A Q Q E E D L E
 A A I S R L E * P W L S R R K T W S

 R P R L T F T G P Q A R G A L P V P
 E R D S L L H V Q S L G E L W P F Q
 S A T P S Y I Y R A S G K W G P S S

 CGA GCG CCA GCC TCT CAT TTA CAT GGA CCG ACT CGG GAA GGT CGG TCC CCT TGA
 11295 11304 11313 11322 11331 11340
 GCT CGC GGT CGG AGA GTA AAT GTA CCT GGC TGA GCC CTT CCA GCC AGG GGA ACT

 A R G R R V N V P G * A L P A R G T
 L A V G E * M Y L A E P F Q P G E L
 S R S E S K C T W L S P S S Q G N W

 G R P S I S R R W F * Q F R L R F I
 D E H L F R D D G S D S S D C G S Y
 T R T S F D I T A L I V P I A A P I

 CCA GGA GCA CCT CTT TAG CTA GCA GCG GTC TTA GTG ACC TTA GCG TCG GCC TTA
 11349 11358 11367 11376 11385 11394
 GGT CCT CGT GGA GAA ATC GAT CGT CGC CAG AAT CAC TGG AAT CGC AGC CGG AAT

 G P R G E I D R R Q N H W N R S R N
 V L V E K S I V A R I T G I A A G I
 S S W R N R S S P E S L E S Q P E Y

 A F D P G R I L T H D K C A R L P *
 P L T Q G G Y S R T T R A H G L L D
 H C L R A G T H A H P G Q M G * S T

 TAC CGT TTC AGA CCG GGG GCA TAC TCG CAC ACC AGG AAC GTA CGG GAT TCT CCA
 11403 11412 11421 11430 11439 11448
 ATG GCA AAG TCT GGC CCC CGT ATG AGC GTG TGG TCC TTG CAT GCC CTA AGA GGT

 M A K S G P R M S V W S L H A L R G
 W Q S L A P V * A C G P C M P * E V
 G K V W P P Y E R V V L A C P K R S

 G V C R T D L R R L A G G S F * S S
 D S A D L I L A G F P A V V S S H L
 M R R M S Y * P A S P R W W Q V I F

 GTA GGC TGC GTA GCT CAT AGT TCC GCG GCT TCC CGC GGT GGT GAC TTG ATA CTT
 11457 11466 11475 11484 11493 11502
 CAT CCG ACG CAT CGA GTA TCA AGG CGC CGA AGG GCG CCA CCA CTG AAC TAT GAA

 H P T H R V S R R R R A P P L N Y E
 I R R I E Y Q G A E G R H H * T M K
 S D A S S I K A P K G A T T E L * R

 T L A I G G M R R I P G P C * E D Q
 R S P S V V W A V F P D Q V N S M K
 V H P R Y W G H S S H T R S M V * R

 CTG CAC TCC CGC TAT GGT GGG TAC GCT GCT TAC CCA GGA CCT GTA ATG AGT AGA

11511 11520 11529 11538 11547 11556
 GAC GTG AGG GCG ATA CCA CCC ATG CGA CGA ATG GGT CCT GGA CAT TAC TCA TCT

 D V R A I P P M R R M G P G H Y S S
 T * G R Y H P C D E W V L D I T H L
 R E G D T T H A T N G S W T L L I L

 D D * R M * P R T P A G Q H R R S D
 I M K D C R R G P Q P A K T G G A T
 S * R I A D V A P N P R R P A A Q Q

 ACT AGT AGA ATA GCG TAG ATG CCG GCC CAA CCC CGC GGA ACC ACG GCG GAC GAC
 11565 11574 11583 11592 11601 11610
 TGA TCA TCT TAT CGC ATC TAC GGC CGG GTT GGG GCG CCT TGG TGC CGC CTG CTG

 * S S Y R I Y G R V G A P W C R L L
 D H L I A S T A G L G R L G A A C C
 I I L S H L R P G W G A L V P P A V

 H A P G A S A H A L R I L R G T G P
 T L L A R R P T P L A S L A A R A R
 R S C P G G L R P C P P Y P P G H G

 AGC ACT CGT CCC GGG CGG CTC CGC ACC CGT TCC GCC TAT TCC GCC GGG CAC GGG
 11619 11628 11637 11646 11655 11664
 TCG TGA GCA GGG CCC GCC GAG GCG TGG GCA AGG CGG ATA AGG CGG CCC GTG CCC

 S * A G P A E A W A R R I R R P V P
 R E Q G P P R R G Q G G * G G P C P
 V S R A R R G V G K A D K A A R A R

 T H V A I V G S P V R S R T R R A G
 H T C P (L) * A P L F A A V P G G P A
 T H A R C D R R F S R P * P D A Q R

 CCA CAC ACG TGC CGT TAG TGC GGC CTT CCT TGC GCC GAT GCC CAG GCG GAC CGC
 11673 11682 11691 11700 11709 11718
 GGT GTG TGC ACG GCA ATC ACG CCG GAA GGA ACG CGG CTA CGG GTC CGC CTG GCG

 G V C T A I T P E G T R L R V R L A
 V C A R Q S R R K E R G Y G S A W R
 C V H G N H A G R N A A T G P P G A

 G R G P A P S A G R L I R C G P P R
 V A G L R R H H V E F F G A D R R G
 W R A W A G T I C R S S D P M G A A

 GGT GGC GCG GGT CCG CGG CCA CTA CGT GGA GCT TCT TAG GCC GTA GGG CCG CCG
 11727 11736 11745 11754 11763 11772
 CCA CCG CGC CCA GGC GCC GGT GAT GCA CCT CGA AGA ATC CGG CAT CCC GGC GGC

 P P R P G A G D A P R R I R H P G G
 H R A Q A P V M H L E E S G I P A A
 T A P R R R * C T S K N P A S R R P

 G A R F R P A D G A K T P R G H A G
 A Q G S V P R T V Q K P R G A M R A

P R G Q F P A R * R S Q D A P W A R

 GCC GGA CGG GAC TTT GCC CCG CGC AGT GGA CGA AAC CAG CCG GCC GGT ACG CGC
 11781 11790 11799 11808 11817 11826
 CGG CCT GCC CTG AAA CGG GGC GCG TCA CCT GCT TTG GTC GGC CGG CCA TGC GCG

 R P A L K R G A S P A L V G R P C A
 G L P * N G A R H L L W S A G H A R
 A C P E T G R V T C F G R P A M R A

 R L * R I T A P Y I F V R K S L S E
 G Y D V S R Q P I Y S F G N R Y V K
 G T I L P D N R S I H F G T E I F K

 GGG GCA TTA GTT GCC TAG CAA CGC CCT ATA TAC TTT TGG GCA AAG CTA TTT GAA
 11835 11844 11853 11862 11871 11880
 CCC CGT AAT CAA CGG ATC GTT GCG GGA TAT ATG AAA ACC CGT TTC GAT AAA CTT

 P R N Q R I V A G Y M K T R F D K L
 P V I N G S L R D I * K P V S I N F
 P * S T D R C G I Y E N P F R * T F

 C Q R C A R K T W S P S S P A R * R
 A N A V H A N Q G A R R R L R G S G
 R M P S M R T K D L E A V F A G A V

 AGC GTA ACC GCT GTA CGC GCA AAA CAG GTC GAG CCG CTG CTT CCG CGG GCG ATG
 11889 11898 11907 11916 11925 11934
 TCG CAT TGG CGA CAT GCG CGT TTT GTC CAG CTC GGC GAC GAA GGC GCC CGC TAC

 S H W R H A R F V Q L G D E G A R Y
 R I G D M R V L S S A T K A P A T
 A L A T C A F C P A R R R R R P L P

 G H C H S L Q R T G A S G Q P A V G
 G T V T A * N V R E Q L V R P P W V
 A R S L P E I S A N R C F G P P G C

 GCG GGC ACT GTC ACC GAG TTA ACT GCG CAA GGA CGT CTT GGG ACC CCC CGG TGT
 11943 11952 11961 11970 11979 11988
 CGC CCG TGA CAG TGG CTC AAT TGA CGC GTT CCT GCA GAA CCC TGG GGG GCC ACA

 R P * Q W L N * R V P A E P W G A T
 A R D S G S I D A F L Q N P G G P H
 P V T V A Q L T R S C R T L G G H T

 R I E P N G A R L G Q R R P R H P Q
 E S R L I G L A Y A K A V L A T R N
 R P D * S E W R T P R P S S P P A T

 GGA GCC TAG AGT CCT AAG GGT CGC GCA TCC GGA ACC GCT GCT CCC GCC ACG CCA
 11997 12006 12015 12024 12033 12042
 CCT CGG ATC TCA GGA TTC CCA GCG CGT AGG CCT TGG CGA CGA GGG CGG TGC GGT

 P R I S G F P A R R P W R R G R C G
 L G S Q D S Q R V G L G D E G G A V
 S D L R I P S A * A L A T R A V R L

A G P L A G D D Q Q R P V R G G P P
P V R F R E M M K S V H Y E V G Q R
P C G S A S W * R A S T T S S G R A

ACC CGT GGG CCT TCG CGA GGT AGT AGA ACG ACT GCA CCA TGA GCT GGG GGA CCG
12051 12060 12069 12078 12087 12096
TGG GCA CCC GGA AGC GCT CCA TCA TCT TGC TGA CGT GGT ACT CGA CCC CCT GGC

W A P G S A P S S C * R G T R P P G
G H P E A L H H L A D V V L D P L A
G T R K R S I I L L T W Y S T P W R

Q P L A Q Q R H L H H A * R R R H T
S L Y L K S A I C T T R E G A A I R
A S T S S A P S A P P A S V Q P S A

CCG ACT CCA TCT CGA ACG ACC GCT ACG TCC ACC ACG CGA GTG GAC GCC GCT ACG
12105 12114 12123 12132 12141 12150
GGC TGA GGT AGA GCT TGC TGG CGA TGC AGG TGG TGC GCT CAC CTG CGG CGA TGC

G * G R A C W R C R W C A H L R R C
A E V E L A G D A G G A L T C G D A
L R * S L L A M Q V V R S P A A M R

R H D Q R G P Q I L D H P R N E G P
E I I K A D L S S L T T P A T R V Q
N S S R P T W A P Y P R P P P E * R

CAA GCT ACT AGA ACC GCA GGT CCG ACC TAT TCC AGC ACC CCC GCC AAG AGT GGA
12159 12168 12177 12186 12195 12204
GTT CGA TGA TCT TGG CGT CCA GGC TGG ATA AGG TCG TGG GGG CGG TTC TCA CCT

V R * S W R P G W I R S W G R F S P
F D D L G V Q A G * G R G G G S H L
S M I L A S R L D K V V G A V L T W

V G Q P F L A S L H R S R R P P V L
Y E R P S S H Q S T D L A G P R S W
T S G P P L T S L P T S L A P A P G

CCA TGA GGG ACC CCC TTC TCA CGA CTC TCC ACA GCT CTC GCG GCC CCG CCC TGG
12213 12222 12231 12240 12249 12258
GGT ACT CCC TGG GGG AAG AGT GCT GAG AGG TGT CGA GAG CGC CGG GGC GGG ACC

G T P W G K S A E R C R E R R G G T
V L P G G R V L R G V E S A G A G P
Y S L G E E C * E V S R A P G R D Q

C R R S V G K Y G V S T * W C Y H V
A G A A S E K T G L V R E G A T T S
P V P P Q S R Q V W C E N V L L L P

TCC GTG GCC GCC GAC TGA GGA AAC ATG GGT TGT GAG CAA GTG GTC GTC ATC ACC
12267 12276 12285 12294 12303 12312
AGG CAC CGG CGG CTG ACT CCT TTG TAC CCA ACA CTC GTT CAC CAG CAG TAG TGG

R H R R L T P L Y P T L V H Q Q * W
 G T G G * L L C T Q H S F T S S S G
 A P A A D S F V P N T R S P A V V D

 K T * T G T A T R P C Q T T R A F P
 K R E P A P R P E Q V N P Q E L L H
 S E N L H R D R N K S M P N N S C I

 TGA AAG CAA GTC CAC GGC CAG CGC CAA GAA CCT GTA ACC CAA CAA GCT CGT TTA
 12321 12330 12339 12348 12357 12366
 ACT TTC GTT CAG GTG CCG GTC GCG GTT CTT GGA CAT TGG GTT GTT CGA GCA AAT

 T F V Q V P V A V L G H W V V R A N
 L S F R C R S R F L D I G L F E Q M
 F R S G A G R G S W T L G C S S K W

 A P K P P R R G A S R V E R D H R D
 P P N R P G A A P Q G S K V I M A T
 P R T E P A Q P R S V P S * S * P P

 CCC CGC CCA AAG CCC CCG GAC GCC GGC CGA CTG GCC TGA AGT GCT AGT ACC GCC
 12375 12384 12393 12402 12411 12420
 GGG GCG GGT TTC GGG GGC CTG CGG CCG GCT GAC CGG ACT TCA CGA TCA TGG CGG

 G A G F G G L R P A D R T S R S W R
 G R V S G A C G R L T G L H D H G G
 G G F R G P A A G * P D F T I M A V

 A L P Q S P E T T S A S R P T V A A
 R L L S R R S P L Q P A G P H L P R
 G C S A A V A R Y N L R E P T Y R G

 AGG CGT TCT CCG ACG CTG CCG AGC CAT CAA CTC CGC GAG GCC CCA CAT TGC CGG
 12429 12438 12447 12456 12465 12474
 TCC GCA AGA GGC TGC GAC GGC TCG GTA GTT GAG GCG CTC CGG GGT GTA ACG GCC

 S A R G C D G S V V E A L R G V T A
 P Q E A A T A R * L R R S G V * R P
 R K R L R R L G S * G A P G C N G R

 D R A T A H G N R G R F R P Y C A D
 M G R Q P T G T G A A F G R T V P **(M)**
 C G A S H R A R E P R S V A P L L C **C2**

 CGT AGG GCG CGA CAC CGC ACG GGC AAG GCC GGC GCT TTG GCG CCC ATT GTC CGT
 12483 12492 12501 12510 12519 12528
 GCA TCC CGC GCT GTG GCG TGC CCG TTC CGG CCG CGA AAC CGC GGG TAA CAG GCA

 A S R A V A C P F R P R N R G * Q A
 H P A L W R A R S G R E T A G N R H
 I P R C G V P V P A A K P R V T G I

 P R G S F E R S T V R H Q R R V P G
 Q G A P F S A P R * A T N D A S P V
 R A P R F V R P V D R P T T P P R S

 AGA CCG GCC GGC CTT TTG AGC GCC CTG CAG TGC GCC ACA ACA GCC GCC TGC CCT

12537	12546	12555	12564	12573	12582
TCT GGC CGG CCG GAA AAC TCG CGG GAC GTC ACG CGG TGT TGT CGG CGG ACG GGA					
S G R P E N S R D V T R C C R R T G					
L A G R K T R G T S R G V V G G R D					
W P A G K L A G R H A V L S A D G T					
S D H A G G V P S S I E K C T G T K					
R I M P A A S L V L F K R V R A R R					
G F * P R R R C S * F N G * V H G D					
GGG CTT AGT ACC CGC GGC GGC TGT CCT GAT CTT TAA AGG AAT GTG CAC GGG CAG					
12591	12600	12609	12618	12627	12636
CCC GAA TCA TGG GCG CCG CCG ACA GGA CTA GAA ATT TCC TTA CAC GTG CCC GTC					
P E S W A P P T G L E I S L H V P V					
P N H G R R R Q D * K F P Y T C P S					
R I M G A A D R T R N F L T R A R L					
D E V G A F R H R P V L P S P M F I					
I R S A Q S D T A H F S H L R C S F					
* G R R R R I Q P T S R T S V A H F					
AAT AGG AGC TGC GGA CGC TTA GAC ACC GCA CCT TGC TCA CCT CTG CCG TAC TTT					
12645	12654	12663	12672	12681	12690
TTA TCC TCG ACG CCT GCG AAT CTG TGG CGT GGA ACG AGT GGA GAC GGC ATG AAA					
L S S T P A N L W R G T S G D G (M) K					
Y P R R L R I C G V E R V E T A * K					
I L D A C E S V A W N E W R R H E N					
S T S C G V Q L R S V T R S P R P P					
R H A A A S R Y G P Y P A P R A R R					
D I H Q L R G T V Q I R H P V P A A					
TAG CTA CAC GAC GTC GGC TGG ACA TTG GAC CTA TGC CAC GCC CTG CCC GCG CCG					
12699	12708	12717	12726	12735	12744
ATC GAT GTG CTG CAG CCG ACC TGT AAC CTG GAT ACG GTG CGG GAC GGG CGC GGC					
I D V L Q P T C N L D T V R D G R G					
S M C C S R P V T W I R C G T G A A					
R C A A A D L * P G Y G A G R A R R					
I K V Q T G G S G M R S N L I S C R					
F K * R P G G P A W G P I * Y A A G					
S N E G P D G R L G D Q F E I H Q V					
CCT TAA AAG TGG ACC CAG GGG GGC CTC GGG TAG GAC CTT AAG TTA TAC GAC GTG					
12753	12762	12771	12780	12789	12798
GGA ATT TTC ACC TGG GTC CCC CCG GAG CCC ATC CTG GAA TTC AAT ATG CTG CAC					
G I F T W V P P E P I L E F N M L H					
E F S P G S P R S P S W N S I C C T					
N F H L G P P G A H P G I Q Y A A P					
Y G P F T R P R C * * G C K T S Y R					
T G P F P A R G A N D G A S Q R T G					

Q V R S L H A A Q M I V R V K D L V

 GAC ATG GGC CCT TTC CAC GCG CCG GAC GTA ATA GTG GGC GTG AAA CAG CTC ATG
 12807 12816 12825 12834 12843 12852
 CTG TAC CCG GGA AAG GTG CGC GGC CTG CAT TAT CAC CCG CAC TTT GTC GAG TAC

 L Y P G K V R G L H Y H P H F V E Y
 C T R E R C A A C I I T R T L S S T
 V P G K G A R P A L S P A L C R V P

 S N T S P E P T S I V L S S A S S G
 A T R R P S P R A S * W P R R R L G
 Q Q E D L A R A H Q D G L V V G F V

 GAC GAC AAG CAG CTC CCG AGC CCG CAC GAC TAG TGG TTC CTG CTG CCG CTT CTG
 12861 12870 12879 12888 12897 12906
 CTG CTG TTC GTC GAG GGC TCG GGC GTG CTG ATC ACC AAG GAC GAC GCC GAA GAC

 L L F V E G S G V L I T K D D A E D
 C C S S R A R A C * S P R T T P K T
 A V R R G L G R A D H Q G R R R R P

 L Q L S S N M W T E R P T Q V L V G
 W S C L P I * G R R A R P R C W S A
 G V A F L F E D V D R A P D A G P R

 GGG TTG ACG TTT CTC CTT AAG TAG GTG CAG AGC GCG CCC CAG ACG TGG TCC TGC
 12915 12924 12933 12942 12951 12960
 CCC AAC TGC AAA GAG GAA TTC ATC CAC GTC TCG CGC GGG GTC TGC ACC AGG ACG

 P N C K E E F I H V S R G V C T R T
 P T A K R N S S T S R A G S A P G R
 Q L Q R G I H P R L A R G L H Q D A

 A P T M C E T W A M E D R V N M A M
 P R P * A S R G R W R T G S T * R W
 R G P D H V G D V G D R G Q R E D G

 GGC CGG CCC CAG TAC GTG AGG CAG GTG CGG TAG AGC AGG GAC TGC AAG TAG CGG
 12969 12978 12987 12996 13005 13014
 CCG GCC GGG GTC ATG CAC TCC GTC CAC GCC ATC TCG TCC CTG ACG TTC ATC GCC

 P A G V M H S V H A I S S L T F I A
 R P G S C T P S T P S R P * R S S P
 G R G H A L R P R H L V P D V H R H

 S V L G Q S S H S G G S T * T S G S
 A * W A R P R I R D A A P E P R A A
 H E G L G P V F A I R R Q N L D L R

 TAC GAG TGG TTC GGG ACC CTG CTT ACG CTA GGC GGC GAC CAA GTC CAG CTC GGC
 13023 13032 13041 13050 13059 13068
 ATG CTC ACC AAG CCC TGG GAC GAA TGC GAT CCG CCG CTG GTT CAG GTC GAG CCG

 M L T K P W D E C D P P L V Q V E P
 C S P S P G T N A I R R W F R S S R
 A H Q A L G R M R S A A G S G R A A

G C V S S R G H P D G H D A G P P E
 A A C A P A G T L T A T T P A P P N
 Q R V R Q L A R S P R R P R R R P T

 GAC GGC GTG TGC GAC CTC GCG GGC ACT CCC AGC GGC ACC AGC CGC GGC CCC CCA
 13077 13086 13095 13104 13113 13122
 CTG CCG CAC ACG CTG GAG CGC CCG TGA GGG TCG CCG TGG TCG GCG CCG GGG GGT

 L P H T L E R P * G S P W S A P G G
 C R T R W S A R E G R R G R R R G V
 A A H A G A P (V) R V A V V G A G G F X1

 D A R G D G P C Q T G R G N G H R T
 T P V A T V R A S P E A A M G T V R
 R R C P R * G P V P N R P W E R S A

 AGC AGC CGT GCC GGC AGT GGG CCC GTG ACC CAA GGC GCC GGT AAG GGC ACT GCG
 13131 13140 13149 13158 13167 13176
 TCG TCG GCA CGG CCG TCA CCC GGG CAC TGG GTT CCG CGG CCA TTC CCG TGA CGC

 S S A R P S P G H W V P R P F P * R
 R R H G R H P G T G F R G H S R D A
 V G T A V T R A L G S A A I P V T R

 G V V L L C A T A A G E V H Q D V R
 A L * S S A R R L P G K S T S T L A
 H W S R P P V G Y R G R R R A P * R

 CAC GGT TGA TGC TCC TCC GTG CGG CAT CGC CGG GGA AGC TGC ACG ACC AGT TGC
 13185 13194 13203 13212 13221 13230
 GTG CCA ACT ACG AGG AGG CAC GCC GTA GCG GCC CCT TCG ACG TGC TGG TCA ACG

 V P T T R R H A V A A P S T C W S T
 C Q L R G G T P * R P L R R A G Q R
 A N Y E E A R R S G P F D V L V N A

 G A G G P T V P G P L V G V V V A A
 A Q G E R R * Q A R C C G S S S R R
 P R G R G A N S P G A A G R R R G G

 GCC GGA CGG GGA GGG CCG CAA TGA CCC GGG CCG TCG TGG GGC TGC TGC TGG CGG
 13239 13248 13257 13266 13275 13284
 CGG CCT GCC CCT CCC GGC GTT ACT GGG CCC GGC AGC ACC CCG ACG ACG ACC GCC

 R P A P P G V T G P G S T P T T T A
 G L P L P A L L G P A A P R R R P P
 A C P S R R Y W A R Q H P D D D R R

 L R D V L G P R E K A V P L P V A E
 S V T S L V R A S R R S Q S H S R K
 R S P R C S G P A G E R S P T P G S

 CGC TCT GCC AGC TGT TCT GGG CCC GCG AGG AAG CGC TGA CCC TCA CCC TGG CGA
 13293 13302 13311 13320 13329 13338
 GCG AGA CGG TCG ACA AGA CCC GGG CGC TCC TTC GCG ACT GGG AGT GGG ACC GCT

A R R S T R P G R S F A T G S G T A
 R D G R Q D P G A P S R L G V G P L
 E T V D K T R A L L R D W E W D R F

 D L D A G D G R A G L Q V G G V A P
 T W I L V M E A R V W S S V G * P R
 R G S * C W R R A C G A P C G R R G

 AGC AGG TCT AGT CGT GGT AGA GGC GCG CGT GGG TCG ACC TGT GGG GGA TGC CGG
 13347 13356 13365 13374 13383 13392
 TCG TCC AGA TCA GCA CCA TCT CCG CGC GCA CCC AGC TGG ACA CCC CCT ACG GCC

 S S R S A P S P R A P S W T P P T A
 R P D Q H H L R A H P A G H P L R P
 V Q I S T I S A R T Q L D T P Y G R

 V P G L G L L E A R A M Q D D A Q A
 F R A S A S S S Q A P W R T T R R P
 S G P R P R P A R R P G D P R G G P

 CCT TGG CCC GGC TCC GGC TCC TCG AGA CGC GCC CGG TAG ACC AGC AGG CGG ACC
 13401 13410 13419 13428 13437 13446
 GGA ACC GGG CCG AGG CCG AGG AGC TCT GCG CGG GCC ATC TGG TCG TCC GCC TGG

 G T G P R P R S S A R A I W S S A W
 E P G R G R G A L R G P S G R P P G
 N R A E A E E L C A G H L V V R L G

 G H V A V A V G L A N E D V D E F L
 G M Y P S L L V L P T R M S M R S S
 G W T R R C C C W P R E * R C G R L

 CGG GGT ACA TGC CGC TGT CGT TGT GGT TCC CGC AAG AGT AGC TGT AGG AGC TTC
 13455 13464 13473 13482 13491 13500
 GCC CCA TGT ACG GCG ACA GCA ACA CCA AGG GCG TTC TCA TCG ACA TCC TCG AAG

 A P C T A T A T P R A F S S T S S K
 P H V R R Q Q H Q G R S H R H P R R
 P M Y G D S N T K G V L I D I L E E

 L G D V R V A L R A L A E R R D L P
 C G T * A C P S D R W L K A G T S H
 A A R R R A R R T A G S S R A P R T

 TCG TCG GGC AGA TGC GCG TGC CGC TCA GCG CGG TCT CGA AGC GCG GCC AGC TCA
 13509 13518 13527 13536 13545 13554
 AGC AGC CCG TCT ACG CGC ACG GCG AGT CGC GCC AGA GCT TCG CGC CGG TCG AGT

 S S P S T R T A S R A R A S R R S S
 A A R L R A R R V A P E L R A G R V
 Q P V Y A H G E S R Q S F A P V E W

 A A A P H G G V E V G L P Q P L H P
 H P P Q T A E W R S A S P S H S T P
 T R R S P P R G G R R R P A T P P P

 CCA CGC CGC CGA CCC ACC GGA GGG TGG AGC TGC GGC TCC CCG ACA CCC TCC ACC

13563 13572 13581 13590 13599 13608
 GGT GCG GCG GCT GGG TGG CCT CCC ACC TCG ACG CCG AGG GGC TGT GGG AGG TGG

 G A A A G W P P T S T P R G C G R W
 V R R L G G L P P R R R G A V G G G
 C G G W V A S H L D A E G L W E V G

 R P R R D A Q P L D P V R D T R T G
 A R V V T L R R S I L S A T P E R E
 P A S S P * G A P S * P R P R N A N

 CCC GCG CCT GCT GCC AGT CGG ACG CCC TCT AGT CCC TGC GCC AGC CAA GCG CAA
 13617 13626 13635 13644 13653 13662
 GGG CGC GGA CGA CGG TCA GCC TGC GGG AGA TCA GGG ACG CGG TCG GTT CGC GTT

 G R G R R S A C G R S G T R S V R V
 G A D D G Q P A G D Q G R G R F A F
 A R T T V S L R E I R D A V G S R S

 D E G A G A L V V L E G Q D A F G V
 T K A P A R L S S W N G R T L S G S
 R R R R R G C P R G T G G P * R V R

 GGC AGA AGC GGC CGC GGG CGT TCC TGC TGG TCA AGG GGG ACC AGT CGC TTG GGC
 13671 13680 13689 13698 13707 13716
 CCG TCT TCG CCG GCG CCC GCA AGG ACG ACC AGT TCC CCC TGG TCA GCG AAC CCG

 P S S P A P A R T T S S P W S A N P
 R L R R R P Q G R P V P P G Q R T R
 V F A G A R K D D Q F P L V S E P D

 P R V G C I D D A P E P G T A S C Q
 Q G S A A S T M P Q S L A R L R A S
 S A P R R L H * R S A * P G Y G L V

 TGA CCG GCC TGC GGC GTC TAC AGT AGC CGA CCG AGT CCC GGG CAT CGG CTC GTG
 13725 13734 13743 13752 13761 13770
 ACT GGC CGG ACG CCG CAG ATG TCA TCG GCT GGC TCA GGG CCC GTA GCC GAG CAC

 T G R T P Q M S S A G S G P V A E H
 L A G R R R C H R L A Q G P * P S T
 W P D A A D V I G W L R A R S R A L

 S S F * S C S R D S S R * R G N G S
 V P S D H A R G T V R G D D V T A P
 S Q L I M L V V P * E V T M S R Q R

 ACT GAC CTC TTA GTA CTC GTG CTG GCC AGT GAG CTG GCA GTA GCT GGC AAC GGC
 13779 13788 13797 13806 13815 13824
 TGA CTG GAG AAT CAT GAG CAC GAC CGG TCA CTC GAC CGT CAT CGA CCG TTG CCG

 * L E N H E H D R S L D R H R P L P
 D W R I (M) S T T G H S T V I D R C R
 T G E S * A R P V T R P S S T V A G

 R R C C R T A A R A R G R V A P G *
 D A V V G L Q Q G H E V E S R L G E

G1

I	Q	S	L	V	S	N	S	G	T	S	S	R	P	G	C	A	R
CTA	GAC	GCT	GTT	GTG	GCT	CAA	CGA	CGG	GCA	CGA	GCT	GGA	GCC	TGG	CGT	CCG	GGA
	13833			13842			13851			13860		13869				13878	
GAT	CTG	CGA	CAA	CAC	CGA	GTT	GCT	GCC	CGT	GCT	CGA	CCT	CGG	ACC	GCA	GGC	CCT
D	L	R	Q	H	R	V	A	A	R	A	R	P	R	T	A	G	P
I	C	D	N	T	E	L	L	P	V	L	D	L	G	P	Q	A	L
S	A	T	T	P	S	C	C	P	C	S	T	S	D	R	R	P	S
R	R	T	G	A	S	G	R	R	P	R	A	T	R	E	A	P	A
G	A	H	E	R	P	G	A	A	L	V	H	R	V	N	R	Q	L
V	P	T	N	G	R	V	R	P	S	S	T	G	Y	T	G	S	S
GTG	GCC	GCA	CAA	GGG	CGC	CTG	GGC	GCC	GCT	CCT	GCA	CGG	CAT	GCA	AGG	CGA	CCT
	13887			13896			13905			13914		13923				13932	
CAC	CGG	CGT	GTT	CCC	GCG	GAC	CCG	CGG	CGA	GGA	CGT	GCC	GTA	CGT	TCC	GCT	GGA
H	R	R	V	P	A	D	P	R	R	G	R	A	V	R	S	A	G
T	G	V	F	P	R	T	R	G	E	D	V	P	Y	V	P	L	E
P	A	C	S	R	G	P	A	A	R	T	C	R	T	F	R	W	S
P	A	S	S	A	R	R	N	R	V	P	A	A	A	G	C	R	R
Q	H	A	A	R	G	A	T	A	F	Q	H	L	Q	A	V	G	G
S	T	R	Q	E	G	P	P	Q	S	S	T	C	S	R	W	V	A
CGA	CCA	CGC	GAC	GAG	CGG	GCC	GCC	AAC	GCT	TGA	CCA	CGT	CGA	CGC	GGT	GTG	GCG
	13941			13950			13959			13968		13977				13986	
GCT	GGT	GCG	CTG	CTC	GCC	CGG	CGG	TTG	CGA	ACT	GGT	GCA	GCT	GCG	CCA	CAC	CGC
A	G	A	L	L	A	R	R	L	R	T	G	A	A	A	P	H	R
L	V	R	C	S	P	G	G	C	E	L	V	Q	L	R	H	T	A
W	C	A	A	R	P	A	V	A	N	W	C	S	C	A	T	P	P
S	R	G	*	T	R	R	P	S	R	S	G	T	W	G	*	G	S
V	E	A	E	H	V	A	L	A	V	A	V	P	G	A	E	V	A
S	K	P	R	M	Y	P	S	P	*	P	*	R	D	L	R	L	R
GCT	GAA	GCC	GGA	GTA	CAT	GCC	GCT	CCC	GAT	GCC	GAT	GGC	CAG	GTC	GGA	GTT	GGC
	13995			14004			14013			14022		14031				14040	
CGA	CTT	CGG	CCT	CAT	GTA	CGG	CGA	GGG	CTA	CGG	CTA	CCG	GTC	CAG	CCT	CAA	CCG
R	L	R	P	H	V	R	R	G	L	R	L	P	V	Q	P	Q	P
D	F	G	L	M	Y	G	E	G	Y	G	Y	R	S	S	L	N	R
T	S	A	S	C	T	A	R	A	T	A	T	G	P	A	S	T	A
W	P	P	G	G	A	R	C	P	R	R	W	*	R	G	P	R	G
G	H	R	V	V	Q	A	A	L	D	G	G	D	G	A	Q	D	V
E	M	A	S	W	R	R	P	L	T	A	A	M	V	P	R	T	S
GAG	GTA	CCG	CCT	GGT	GGA	CGC	GCC	GTT	CCA	GCG	GCG	GTA	GTG	GCC	GGA	CCA	GCT
	14049			14058			14067			14076		14085				14094	
CTC	CAT	GGC	GGA	CCA	CCT	GCG	CGG	CAA	GGT	CGC	CGC	CAT	CAC	CGG	CCT	GGT	CGA
L	H	G	G	P	P	A	R	Q	G	R	R	H	H	R	P	G	R
S	M	A	D	H	L	R	G	K	V	A	A	I	T	G	L	V	D
P	W	R	T	T	C	A	A	R	S	P	P	S	P	A	W	S	T

R G R R G P R P C R C C R R C G A P
E A G A V Q D H V D A A V V A G Q Q
R P G P S R T T S M P L L S P V R S

GGA GCC GGG GCC GCT GGA CCA GCA CCT GTA GCC GTC GTT GCT GCC GTG GGA CGA
14103 14112 14121 14130 14139 14148
CCT CGG CCC CGG CGA CCT GGT CGT GGA CAT CGG CAG CAA CGA CGG CAC CCT GCT

P R P R R P G R G H R Q Q R R H P A
L G P G D L V V D I G S N D G T L L
S A P A T W S W T S A A T T A P C W

P R G R R R A G G P R L P G R R W R
R G V G G V P G A Q D S H V G G G G
A A * G A S P G R R T P T S G A A V

CCG CCG GAT GGG GCG GCT GCC CGG GGC GGA CCA GCC TCA CCT GGG GCG GCG GTG
14157 14166 14175 14184 14193 14202
GGC GGC CTA CCC CGC CGA CGG GCC CCG CCT GGT CGG AGT GGA CCC CGC CGC CAC

G G L P R R R A P P G R S G P R R H
A A Y P A D G P R L V G V D P A A T
R P T P P T G P A W S E W T P P P P

R R R T R G A P R R A S G R S R R M
D E G R G V R R A D L Q D G V E E C
T K A A D * G G P T S S I G S K K A

GCA GAA GCG GCG CAG GAT GGG CGG CCC GCA GCT CGA CTA GGG GCT GAA GAA GCG
14211 14220 14229 14238 14247 14256
CGT CTT CGC CGC GTC CTA CCC GCC GGG CGT CGA GCT GAT CCC CGA CTT CTT CGC

R L R R V L P A G R R A D P R L L R
V F A A S Y P P G V E L I P D F F A
S S P R P T R R A S S * S P T S S H

R G A R R A G R W P R * R S R S T R
V V Q E A P A A G L D D G R D R H E
Y S R S P P R R A L T T V E I A I N

TAT GCT GGA CGA GCC GCC CGC GGC GCG GTT CCA GCA GTG GAG CTA GCG CTA CAA
14265 14274 14283 14292 14301 14310
ATA CGA CCT GCT CGG CGG GCG CCG CGC CAA GGT CGT CAC CTC GAT CGC GAT GTT

I R P A R R A P R Q G R H L D R D V
Y D L L G G R R A K V V T S I A M F
T T C S A G A A P R S S P R S R C S

R G A A D W P T * A P P R G G A S P
V V Q R T G H L E H P L D A A Q Q R
* S R G R G M S N M R S T P R R S V

GAT GCT GGA CGG CGC AGG GTA CCT CAA GTA CGC CCT CCA GCC GGC GGA CGA CTG
14319 14328 14337 14346 14355 14364
CTA CGA CGT GCC GCG TCC CAT GGA GTT CAT GCG GGA GGT CGG CCG CCT GCT GAC

L R P A A S H G V H A G G R P P A D
 Y D L P R P M E F M R E V G R L L T
 T T C R V P W S S C G R S A A C * R

 R R C R P S R A S S D A R S A G R R
 V V A D P H G L L A I Q G R H E V G
 S S P M Q T V S C L * R G A I S W A

 CCT GCT GCC GTA GAC CCA CTG GCT CGT CTC GAT AGA CGG GCG CTA CGA GGT GCG
 14373 14382 14391 14400 14409 14418
 GGA CGA CGG CAT CTG GGT GAC CGA GCA GAG CTA TCT GCC CGC GAT GCT CCA CGC

 G R R H L G D R A E L S A R D A P R
 D D G I W V T E Q S Y L P A M L H A
 T T A S G * P S R A I C P R C S T P

 R R R R P R G R A G P S S R A A G S
 A G V V H D A V L V Q V V V P Q A L
 Q A * S T T Q W S C R S * * P S R W

 GAC GCG GAT GCT GCA CCA GAC GGT GCT CGT GGA CCT GAT GAT GCC CGA CGC GGT
 14427 14436 14445 14454 14463 14472
 CTG CGC CTA CGA CGT GGT CTG CCA CGA GCA CCT GGA CTA CTA CGG GCT GCG CCA

 L R L R R G L P R A P G L L R A A P
 C A Y D V V C H E H L D Y Y G L R Q
 A P T T W S A T S T W T T T G C A R

 R T S P R A C R G S P P P H R A S G
 D L P H G L A G A Q L H H I G L Q G
 I S H I A S R V P R F T T S A S S V

 CTA GCT CAC CTA CCG GCT CGC GTG GCC GGA CTT CCA CCA CCT ACG GCT CGA CTG
 14481 14490 14499 14508 14517 14526
 GAT CGA GTG GAT GGC CGA GCG CAC CGG CCT GAA GGT GGT GGA TGC CGA GCT GAC

 D R V D G R A H R P E G G G C R A D
 I E W M A E R T G L K V V D A E L T
 S S G W P S A P A * R W W M P S * P

 R R R R F G R A R A P G G R S R E G
 G D V A S A E R E H Q G A A A G R A
 G T * P P L R E S T S A R R P E E R

 GGG GCA GAT GCC GCC TTC GGA GAG CGA GCA CGA CCG GGC GGC GCC GAG GAG AGC
 14535 14544 14553 14562 14571 14580
 CCC CGT CTA CGG CGG AAG CCT CTC GCT CGT GCT GGC CCG CCG CGG CTC CTC TCG

 P R L R R K P L A R A G P P R L L S
 P V Y G G S L S L V L A R R G S S R
 P S T A E A S R S C W P A A A P L A

 P * R A P A P G C G R R L S P G A R
 L D V L R R Q G A D A G S L R V Q G
 W T L S G A S A R M R A P S V S R G

 GGT CCA GTT GCT CGG CCG CGA CCG GGC GTA GGC GCG GCC TCT CTG CCT GGA CGG

14589	14598	14607	14616	14625	14634
CCA GGT CAA CGA	GCC GGC GCT	GGC CCG CAT	CCG CGC CGG	AGA GAC GGA	CCT GCC
P G Q R	A G A G	P H P R	R R R D	G P A	
Q V N E	P A L A	R I R A	G E T D	L P	
R S T S	R R W P	A S A P	E R R T	C P	
R P T R	G A S R	P T G H	G V G P	I G	
V R L E	G P P G	L L G T	V S E Q	F E	
* A S N	A R R V	S S D R	S R S R	S N	
GAT GCG CCT CAA	GCG GGC CGC	CTG GCT CCT	CAG GGC ACT	GGC TGA GGA	CCT TAA
14643	14652	14661	14670	14679	14688
CTA CGC GGA GTT	CGC CCG GCG	GAC CGA GGA	GTC CCG TGA	CCG ACT CCT	GGA ATT
L R G V	R P A D	R G V P	* P T P	G I	
Y A E F	A R R T	E E S R	D R L L	E F	
T R S S	P G G P	R S P V	T D S W	N S	
* R R A P	C P A A	C G Q S	R R R S	S S	
E G G R	P V L P	Q V G K	A V A G	R R	
R V A E	R S L P	S C V R	P * P A	E V	
GGA GTG GCG GAG	CGC CCT GTT	CCC CGA CGT	GTG GGA ACC	GAT GCC GCG	GAG CTG
14697	14706	14715	14724	14733	14742
CCT CAC CGC CTC	GCG GGA CAA	GGG GCT GCA	CAC CCT TGG	CTA CGG CGC	CTC GAC
P H R L	A G Q G	A A H P	W L R R	L D	
L T A S	R D K G	L H T L	G Y G A	S T	
S P P R	G T R G	C T P L	A T A P	R R	
P C R *	G A T S	R G P R	S A G A	R C	
L A V D	D Q L V	A A Q V	L R E Q	G A	
F P L T	M R C Y	Q P R S	S V S R	G Q	
CTT CCC GTT GCA	GTA GGA CGT	CAT GAC GCC	GGA CCT GCT	CTG CGA GGA	CGG GAC
14751	14760	14769	14778	14787	14796
GAA GGG CAA CGT	CAT CCT GCA	GTA CTG CGG	CCT GGA CGA	GAC GCT CCT	GCC CTG
E G Q R	H P A V	L R P G	R D A P	A L	
K G N V	I L Q Y	C G L D	E T L L	P C	
R A T S	S C S T	A A W T	R R S C	P A	
R R P S	R P C T	R S S C	A R C S	C G	
D G L H	V L V L	E A A V	R G A R	V D	
M A S T	F S S L	N P Q *	V G P V	F M	
GTA GCG GCT CCA	CTT GCT CCT	GTT CAA GCC	GAC GAT GTG	CGG GCC GTG	CTT GTA
14805	14814	14823	14832	14841	14850
CAT CGC CGA GGT	GAA CGA GGA	CAA GTT CGG	CTG CTA CAC	GCC CGG CAC	GAA CAT
H R R G	E R G Q	V R L L	H A R H	E H	
I A E V	N E D K	F G C Y	T P G T	N I	
S P R *	T R T S	S S A A	T R P A	R T S	
S R R R	P P P G	P A Q A	R G T G	P G	
R D D G	L L L G	P R K L	G V L E	Q D	

G	I	T	E	S	S	S	A	R	A	S	S	G	S	W	N	R	T
GGG	CTA	GCA	GAG	GCT	CCT	CCT	CCG	GGC	CCG	CGA	ACT	CGG	GCT	GGT	CAA	GGA	CCA
	14859			14868			14877			14886		14895			14904		
CCC	GAT	CGT	CTC	CGA	GGA	GGA	GGC	CCG	GGC	GCT	TGA	GCC	CGA	CCA	GTT	CCT	GGT
P	D	R	L	R	G	G	G	P	G	A	*	A	R	P	V	P	G
P	I	V	S	E	E	E	A	R	A	L	E	P	D	Q	F	L	V
R	S	S	P	R	R	R	P	G	R	L	S	P	T	S	S	W	S
G	T	S	R	G	P	R	S	P	R	G	P	V	R	S	G	P	R
E	R	P	D	V	P	V	R	H	D	G	P	F	A	V	E	Q	G
R	G	H	I	*	R	S	A	I	T	A	R	S	R	S	K	R	A
GGA	GGG	CAC	CTA	GAT	GGC	CCT	GCG	CTA	CCA	GCG	GGC	CCT	TGC	GCT	GAA	GGA	CCG
	14913			14922			14931			14940		14949			14958		
CCT	CCC	GTG	GAT	CTA	CCG	GGA	CGC	GAT	GGT	CGC	CCG	GGA	ACG	CGA	CTT	CCT	GGC
P	P	V	D	L	P	G	R	D	G	R	P	G	T	R	L	P	G
L	P	W	I	Y	R	D	A	M	V	A	R	E	R	D	F	L	A
S	R	G	S	T	G	T	R	W	S	P	G	N	A	T	S	W	P
R	L	C	G	P	R	E	A	A	W	A	P	L	Q	T	I	P	H
G	S	A	A	Q	D	K	R	Q	G	R	Q	F	N	H	S	R	T
E	P	P	L	R	T	K	G	S	G	V	S	S	T	T	H	D	P
GAG	GCC	TCC	GTC	GGA	CCA	GAA	AGG	CGA	CGG	GTG	CGA	CCT	TCA	ACA	CAC	TAG	CCC
	14967			14976			14985			14994		15003			15012		
CTC	CGG	AGG	CAG	CCT	GGT	CTT	TCC	GCT	GCC	CAC	GCT	GGA	AGT	TGT	GTG	ATC	GGG
L	R	R	Q	P	G	L	S	A	A	H	A	G	S	C	V	I	G
S	G	G	S	L	V	F	P	L	P	T	L	E	V	V	*	S	G
P	E	A	A	W	S	F	R	C	P	R	W	K	L	C	D	R	V
R	L	H	C	R	A	A	G	G	A	H	K	G	H	A	Q	Q	R
A	S	T	V	D	R	P	V	V	R	T	S	A	T	H	R	S	D
P	P	P	S	M	A	R	C	W	G	R	A	Q	R	T	G	A	T
ACC	GCC	TCC	ACT	GTA	GCG	CGC	CGT	GGT	GGG	CGC	ACG	AAC	GGC	ACA	CGG	ACG	ACA
	15021			15030			15039			15048		15057			15066		
TGG	CGG	AGG	TGA	CAT	CGC	GCG	GCA	CCA	CCC	GCG	TGC	TTG	CCG	TGT	GCC	TGC	TGT
W	R	R	*	H	R	A	A	P	P	A	C	L	P	C	A	C	C
G	G	G	D	I	A	R	H	H	P	R	A	C	R	V	P	A	V
A	E	V	T	S	R	G	T	T	R	V	L	A	V	C	L	L	S
H	Q	R	Q	Q	G	R	G	Q	Q	Q	P	V	A	G	R	A	L
T	S	G	S	S	A	A	A	R	S	S	H	C	P	V	V	P	L
P	A	A	A	A	P	R	P	G	A	A	T	A	R	C	W	P	C
GCC	ACG	ACG	GCG	ACG	ACC	GGC	GCC	GGG	ACG	ACG	ACA	CCG	TGC	CGT	GGT	GCC	CGT
	15075			15084			15093			15102		15111			15120		
CGG	TGC	TGC	CGC	TGC	TGG	CCG	CGG	CCC	TGC	TGC	TGT	GGC	ACG	GCA	CCA	CGG	GCA
R	C	C	R	C	W	P	R	P	C	C	C	G	T	A	P	R	A
G	A	A	A	A	G	R	G	P	A	A	V	A	R	H	H	G	Q
V	L	P	L	L	A	A	A	L	L	L	W	H	G	T	T	G	K

V V R R S G A G P T G R R P I R R M
S S A D R G P E P L A V G P S A G C
P R R T A V R S R S H W A P P H A A

TCC TGC TGC GCA GCG CTG GGC CGA GGC CCT CAC GGT GCG GCC CCC TAC GCG GCG
15129 15138 15147 15156 15165 15174
AGG ACG ACG CGT CGC GAC CCG GCT CCG GGA GTG CCA CGC CGG GGG ATG CGC CGC

R T T R R D P A P G V P R R G M R R
G R R V A T R L R E C H A G G C A A
D D A S R P G S G S A T P G D A P H

D L R P P Q Q E G E G H H H G D R P
T S A H R N S S A R A T T T A T A R
H R P T A T A A R G R R P P P R R A

TAC AGC TCC GCA CCG CCA ACG ACG AGC GGG AGC GGC ACC ACC ACC GGC AGC GCG
15183 15192 15201 15210 15219 15228
ATG TCG AGG CGT GGC GGT TGC TGC TCG CCC TCG CCG TGG TGG TGG CCG TCG CGC

M S R R G G C C S P S P W W W P S R
C R G V A V A A R P R R G G G R R A
V E A W R L L L A L A V V V A V A R

G A S R Q D A P V Q A L W A H H A L
A Q P A S T P R C K P W G R T T P S
P R R L A P R G A S P G A V R P P R

CCC GGA CGC CTC GCG ACC AGC CGG CCG TGA ACC CGG TCG GTG CGC ACC ACC CGC
15237 15246 15255 15264 15273 15282
GGG CCT GCG GAG CGC TGG TCG GCC GGC ACT TGG GCC AGC CAC GCG TGG TGG GCG

G P A E R W S A G T W A S H A W W A
G L R S A G R P A L G P A T R G G R
A C G A L V G R H L G Q P R V V G E

H D G P D N E A R R H E A E D S G P
I I E P I T R P G E T S P R T A G P
S S R R S R E R G K P A R G R R E R

TCT ACT AGA GGC CCT AGC AAG AGC CGG GAA GCC ACG AGC CGG AGC AGC GAG GGC
15291 15300 15309 15318 15327 15336
AGA TGA TCT CCG GGA TCG TTC TCG GCC CTT CGG TGC TCG GCC TCG TCG CTC CCG

R * S P G S F S A L R C S A S S L P
D D L R D R S R P F G A R P R R S R
M I S G I V L G P S V L G L V A P G

D V V G E E G G G E V G V E I E D G
T W S A R K G A A R W E * R S R T A
P G R R G R G R R G G S R G R D R R

CCC AGG TGC TGC GGG AGA AGG GGC GGC GGG AGG TGA GGA TGG AGC TAG AGC AGC
15345 15354 15363 15372 15381 15390
GGG TCC ACG ACG CCC TCT TCC CCG CCG CCC TCC ACT CCT ACC TCG ATC TCG TCG

G S T T P S S P P P S T P T S I S S
 G P R R P L P R R P P L L P R S R R
 V H D A L F P A A L H S Y L D L V A

 L D P Q R Q E H E Q D A H L E T V G
 W I P S A S N M N R I P M S N P S V
 G S R A P A T * T G S R C P T R H C

 GGG TCT AGC CCG ACC GCG ACA AGT ACA AGG ACT AGC CGT ACC TCA AGC CAC TGT
 15399 15408 15417 15426 15435 15444
 CCC AGA TCG GGC TGG CGC TGT TCA TGT TCC TGA TCG GCA TGG AGT TCG GTG ACA

 P R S G W R C S C S * S A W S S V T
 P D R A G A V H V P D R H G V R * H
 Q I G L A L F M F L I G M E F G D T

 V M F A R A A G P G G H S D D A D A
 W W S P A P R V P A A T P I T P T Q
 G G H L R P G C R P R R P F R R R R

 GGG TGG TAC TTC CGC GCC CGG CGT GGC CCC GGC GGC ACC CTT AGC AGC CGC AGA
 15453 15462 15471 15480 15489 15498
 CCC ACC ATG AAG GCG CGG GCC GCA CCG GGG CCG CCG TGG GAA TCG TCG GCG TCT

 P T M K A R A A P G P P W E S S A S
 P P * R R G P H R G R R G N R R R L
 H H E G A G R T G A A V G I V G V C

 H R E G E A T S Q S V R Q V G A V G
 T D N A R P Q A R P Y A S Y V P * A
 R T T R G R S H E P I R A T C R S R

 CGC ACA GCA AGC GGG AGC CGA CAC GAG ACC CTA TGC GCG ACA TGT GGC CGA TGC
 15507 15516 15525 15534 15543 15552
 GCG TGT CGT TCG CCC TCG GCT GTG CTC TGG GAT ACG CGC TGT ACA CCG GCT ACG

 A C R S P S A V L W D T R C T P A T
 R V V R P R L C S G I R A V H R L R
 V S F A L G C A L G Y A L Y T G Y A

 R V A D A E Q R E G E E Q A D G H A
 G S P T P K R G N V R K R P M A M L
 G P R R R S G A T * G R G P C R W S

 GGG GCC TGC CGC AGC CGA AGG ACG GCA AGT GGG AGA AGG ACC CGT AGC GGT ACT
 15561 15570 15579 15588 15597 15606
 CCC CGG ACG GCG TCG GCT TCC TGC CGT TCA CCC TCT TCC TGG GCA TCG CCA TGA

 P R T A S A S C R S P S S W A S P *
 P G R R R L P A V H P L P G H R H E
 P D G V G F L P F T L F L G I A M S

 H G G E G H Q R P Q Q H F A P H E L
 T V A K G T S A R S S I S R P I S W
 R S R R G R A P A A A S P V R S A G

 CGC ACT GGC GGA AGG GGC ACG ACC GCG CCG ACG ACT ACC TTG CGC CCT ACG AGG

15615				15624				15633				15642				15651				15660			
GCG	TGA	CCG	CCT	TCC	CCG	TGC	TGG	CGC	GGC	TGC	TGA	TGG	AAC	GCG	GGA	TGC	TCC						

A	*	P	P	S	P	C	W	R	G	C	*	W	N	A	G	C	S						
R	D	R	L	P	R	A	G	A	A	A	D	G	T	R	D	A	P						
V	T	A	F	P	V	L	A	R	L	L	M	E	R	G	M	L	Q						

G	P	R	A	G	V	G	D	H	P	G	G	G	G	I	E	G	A						
D	R	A	P	V	*	A	M	T	P	A	A	V	A	S	R	A	Q						
T	G	P	P	C	R	R	W	R	P	P	R	W	R	R	D	R	R						

TCA	GGG	CCC	GCC	CGT	GGA	TGC	GGT	AGC	ACC	CCC	GGC	GGT	GGC	GGC	TAG	AGC	GGA						
15669				15678				15687				15696				15705				15714			
AGT	CCC	GGG	CGG	GCA	CCT	ACG	CCA	TCG	TGG	GGG	CCG	CCA	CCG	CCG	ATC	TCG	CCT						

S	P	G	R	A	P	T	P	S	W	G	P	P	P	P	I	S	P						
V	P	G	G	H	L	R	H	R	G	G	R	H	R	R	S	R	L						
S	R	A	G	T	Y	A	I	V	G	A	A	T	A	D	L	A	C						

P	Q	Q	E	R	T	E	D	G	Q	Q	A	A	T	R	G	Q	A						
Q	S	S	S	A	P	R	T	A	R	N	R	P	P	E	G	R	P						
S	A	A	A	R	P	D	R	R	G	T	A	R	R	N	A	G	P						

CGA	CCG	ACG	ACG	AGC	GCC	CAG	AGC	AGC	GGG	ACA	ACG	CGC	CGC	CAA	GCG	GGG	ACC						
15723				15732				15741				15750				15759				15768			
GCT	GGC	TGC	TGC	TCG	CGG	GTC	TCG	TCG	CCC	TGT	TGC	GCG	GCG	GTT	CGC	CCC	TGG						

A	G	C	C	S	R	V	S	S	P	C	C	A	A	V	R	P	W						
L	A	A	A	R	G	S	R	R	P	V	A	R	R	F	A	P	G						
W	L	L	L	A	G	L	V	A	L	L	R	G	G	S	P	L	G						

H	Q	A	G	E	R	E	G	R	D	E	E	A	D	H	H	H	E						
T	S	R	V	R	A	S	V	A	T	K	K	P	T	M	T	T	S						
R	A	A	C	G	R	A	*	R	P	R	R	R	R	*	P	P	A						

CGC	ACG	ACG	CGT	GGG	AGC	GCG	AGT	GGC	GCC	AGA	AGA	AGC	CGC	AGT	ACC	ACC	ACG						
15777				15786				15795				15804				15813				15822			
GCG	TGC	TGC	GCA	CCC	TCG	CGC	TCA	CCG	CGG	TCT	TCT	TCG	GCG	TCA	TGG	TGG	TGC						

A	C	C	A	P	S	R	S	P	R	S	S	S	A	S	W	W	C						
R	A	A	H	P	R	A	H	R	G	L	L	R	R	H	G	G	A						
V	L	R	T	L	A	L	T	A	V	F	F	G	V	M	V	V	L						

D	A	G	G	Q	S	A	D	Q	L	P	R	L	A	P	Q	G	V						
T	R	G	A	K	R	R	T	R	S	R	G	S	R	R	S	G	S						
R	G	G	R	R	A	V	R	G	P	A	A	P	A	G	A	A	R						

AGC	AGG	CGG	GGC	GGA	ACG	CTG	CGC	AGG	ACC	TCG	CCG	GCC	TCG	CGG	CCG	ACG	GGC						
15831				15840				15849				15858				15867				15876			
TCG	TCC	GCC	CCG	CCT	TGC	GAC	GCG	TCC	TGG	AGC	GGC	CGG	AGC	GCC	GGC	TGC	CCG						

S	S	A	P	P	C	D	A	S	W	S	G	R	S	A	G	C	P						
R	P	P	R	L	A	T	R	P	G	A	A	G	A	P	A	A	R						
V	R	P	A	L	R	R	V	L	E	R	P	E	R	R	L	P	D						

A	A	H	E	C	Q	D	D	G	A	D	Q	Q	G	R	D	G	G						
P	P	T	S	V	S	I	M	G	P	T	R	S	D	A	T	A	V						

R R R A * V S * G R R G A T R P R W

TGC CGC CGC ACG AGT GTG ACT AGT AGG GGC CGC AGG ACG ACA GGC GCC AGC GGT
15885 15894 15903 15912 15921 15930
ACG GCG GCG TGC TCA CAC TGA TCA TCC CCG GCG TCC TGC TGT CCG CGG TCG CCA

T A A C S H * S S P A S C C P R S P
R R R A H T D H P R R P A V R G R H
G G V L T L I I P G V L L S A V A T

L E Y A D M E D E A G E Q E A G D A
S S M P M W R M K P A K R N P A M Q
R A * L C G D * R R R R G T R R W R

GGC TCG AGT ATC CGT AGG TAG AGT AGA AGC CGC GGA AGG ACA AGC CGC GGT AGA
15939 15948 15957 15966 15975 15984
CCG AGC TCA TAG GCA TCC ATC TCA TCT TCG GCG CCT TCC TGT TCG GCG CCA TCT

P S S * A S I S S S A P S C S A P S
R A H R H P S H L R R L P V R R H L
E L I G I H L I F G A F L F G A I C

R L G R R G Q R V G A A F Q L F E D
G F V A G A R A S A R P L S C S S T
G S S R A P G P P R G R C V A P V R

CGG GCT TCT GGC GCG GCC GGG ACC GCC TGC GGG CGC CGT TTG ACG TCC TTG AGC
15993 16002 16011 16020 16029 16038
GCC CGA AGA CCG CGC CGG CCC TGG CGG ACG CCC GCG GCA AAC TGC AGG AAC TCG

A R R P R R P W R T P A A N C R N S
P E D R A G P G G R P R Q T A G T R
P K T A P A L A D A R G K L Q E L V

G G Y Q Q R R E E G R D A Q L G V Q
V A T S N G G N K A E T P R F V S R
* R R V T A A T R R R P R G S S R G

AGT GGC GGC ATG ACA ACG GCG GCA AGA AGC GGA GCC AGC CGG ACT TCT GGC TGG
16047 16056 16065 16074 16083 16092
TCA CCG CCG TAC TGT TGC CGC CGT TCT TCG CCT CGG TCG GCC TGA AGA CCG ACC

S P P Y C C R R S S P R S A * R P T
H R R T V A A V L R L G R P E D R P
T A V L L P P F F A S V G L K T D L

Q L E A P A A A G Q P H P G A D G Q
S C S P R P P P A R H T H A P T A R
A A V R G P R R R G T P T P R R R G

ACG ACG TTG AGC CGG CCC CGC CGC CGC GGG ACA CCC ACA CCC GGC CGC AGC GGG
16101 16110 16119 16128 16137 16146
TGC TGC AAC TCG GCC GGG GCG GCG GCG CCC TGT GGG TGT GGG CCG GCG TCG CCC

C C N S A G A A A P C G C G P A S P
A A T R P G R R R P V G V G R R P
L Q L G R G G G A L W V W A G V A L

Q H G D D A F Q R A A R R C R R Q H
 S T A T T P L S A P L A A A A S I
 A P P R R R C V P P C R P P L P A S

 ACG ACC ACC GGC AGC AGC CGT TTG ACC GCC CGT CGC GCC GCC GTC GCC GCG ACT
 16155 16164 16173 16182 16191 16200
 TGC TGG TGG CCG TCG TCG GCA AAC TGG CGG GCA GCG CGG CGG CAG CGG CGC TGA

 C W W P S S A N W R A A R R Q R R *
 A G G R R R Q T G G Q R G G S G A D
 L V A V V G K L A G S A A A A A L M

 R H L A D V G Q A D A H E H V A A S
 D T S R T S A R R M P T S M F Q R P
 T P P A R R R G A C R R A * S S G R

 ACA GCC ACC TCG CGC AGC TGC GGG ACG CGT AGC CGC ACG AGT ACT TGA CGG CGC
 16209 16218 16227 16236 16245 16254
 TGT CGG TGG AGC GCG TCG ACG CCC TGC GCA TCG GCG TGC TCA TGA ACT GCC GCG

 C R W S A S T P C A S A C S * T A A
 V G G A R R R P A H R R A H E L P R
 S V E R V D A L R I G V L M N C R G

 Q G F Q H D E G D P E F E A D Q C G
 S V S S T I R V M P S S S P T R V G
 V S R V P S G * W R A R V R R G S V

 CTG ACT GGC TTG ACC ACT AGG AGT GGT AGC CCG AGC TTG AGC CGC AGG ACT GTG
 16263 16272 16281 16290 16299 16308
 GAC TGA CCG AAC TGG TGA TCC TCA CCA TCG GGC TCG AAC TCG GCG TCC TGA CAC

 D * P N W * S S P S G S N S A S * H
 T D R T G D P H H R A R T R R P D T
 L T E L V I L T I G L E L G V L T P

 R Q E G H Q D D D G Q A G G D H G R
 A N N V M S T M T V R H A V T M V A
 R T T * W A P * R * G T R W R * S R

 GGC GCA ACA AGT GGT ACG ACC AGT AGC AGT GGG ACA CGC GGT GGC AGT ACT GGC
 16317 16326 16335 16344 16353 16362
 CCG CGT TGT TCA CCA TGC TGG TCA TCG TCA CCC TGT GCG CCA CCG TCA TGA CCG

 P R C S P C W S S S P C A P P S * P
 R V V H H A G H R H P V R H R H D R
 A L F T M L V I V T L C A T V M T A

 R Q E V Q E V A G L R A G R G G T C
 G S S S R S S R A S A R V A G A R V
 A A A R G A R G R R P A C R A R G Y

 GCG GCG ACG AGC TGG ACG AGC TGG CGC GGC TCC GCG CGT GGC GCG GGC GGG CAT
 16371 16380 16389 16398 16407 16416
 CGC CGC TGC TCG ACC TGC TCG ACC GCG CCG AGG CGC GCA CCG CGC CCG CCC GTA

R R C S T C S T A P R R A P R P P V
A A A R P A R P R G A H R A R P Y
P L L D L L D R A E A R T A P A R T

F R T G D N A S S P A A F E A R S I
F A L E T T R Q R R H P S N Q G P F
L L S N R R E S V V T R R I R G P F

GTT TTC GCT CAA GGC AGC AAG CGA CTG CTG CCA CGC CGC TTA AGA CGG GCC CTT
16425 16434 16443 16452 16461 16470
CAA AAG CGA GTT CCG TCG TTC GCT GAC GAC GGT GCG GCG AAT TCT GCC CGG GAA

Q K R V P S F A D D G A A N S A R E
K S E F R R S L T T V R R I L P G K
K A S S V V R * R R C G E F C P G N

G S R T * T I G E L I G V F R Q S H
A P A P R P S E R L F V S L V S V I
H R L P D L H N G * S Y R C F A S *

TAC GGC CTC GCC CAG ATC CAC TAA GGG AGT TCT TAT GGC TGT TTT GCG ACT GAT
16479 16488 16497 16506 16515 16524
ATG CCG GAG CGG GTC TAG GTG ATT CCC TCA AGA ATA CCG ACA AAA CGC TGA CTA

M P E R V * V I P S R I P T K R * L
C R S G S R * F P Q E Y R Q N A D Y
A G A G L G D S L K N T D K T L T M

D D F S H L D T R A P D L L G S F L
I T L L I C I R A R R T W Y A Q F C
S R * F F A S G H A G P G T L R F V

ACT AGC AGT TTT CTT ACG TCT AGG CAC GCG CGG CCC AGG TCA TTC GGA CTT TTG
16533 16542 16551 16560 16569 16578
TGA TCG TCA AAA GAA TGC AGA TCC GTG CGC GCC GGG TCC AGT AAG CCT GAA AAC

* S S K E C R S V R A G S S K P E N
D R Q K N A D P C A P G P V S L K T
I V K R M Q I R A R R V Q * A * K Q

S T P Q H L Y G V Q V D T S E A D E
P P P N T C I A S R Y M P A R P T K
P L H T P A S L R G T C R H E R R R

TCC CTC CAC CCA ACC ACG TCT ATC GGC TGG ACA TGT AGC CAC GAG AGC CGC AGA
16587 16596 16605 16614 16623 16632
AGG GAG GTG GGT TGG TGC AGA TAG CCG ACC TGT ACA TCG GTG CTC TCG GCG TCT

R E V G W C R * P T C T S V L S A S
G R W V G A D S R P V H R C S R R L
G G G L (V) Q I A D L Y I G A L G V F

Y R R T H A D F P G H F A A E I R G
T G G H T L T S H A T S R P R * G A
R V A T H S R R I P R P V R G R D P

AGC ATG GCG GCA CAC ACT CGC AGC TTA CCC GGC ACC TTG CGC CGG AGA TAG GCC

16641			16650			16659			16668			16677			16686		
TCG	TAC	CGC	CGT	GTG	TGA	GCG	TCG	AAT	GGG	CCG	TGG	AAC	GCG	GCC	TCT	ATC	CGG
S	Y	R	R	V	*	A	S	N	G	P	W	N	A	A	S	I	R
R	T	A	V	C	E	R	R	M	G	R	G	T	R	P	L	S	G
V	P	P	C	V	S	V	E	W	A	V	E	R	G	L	Y	P	A
F	L	G	L	C	V	L	E	A	P	D	G	Y	G	A	V	D	G
S	S	A	S	A	C	S	S	P	P	T	A	M	A	P	S	T	G
R	L	P	R	P	V	R	A	R	R	P	R	W	L	R	R	R	G
GGC	TTC	TCC	GGC	TCC	GTG	TGC	TCG	AGC	CGC	CCC	AGC	GGT	ATC	GGC	CGC	TGC	AGG
16695			16704			16713			16722			16731			16740		
CCG	AAG	AGG	CCG	AGG	CAC	ACG	AGC	TCG	GCG	GGG	TCG	CCA	TAG	CCG	GCG	ACG	TCC
P	K	R	P	R	H	T	S	S	A	G	S	P	*	P	A	T	S
R	R	G	R	G	T	R	A	R	R	G	R	H	S	R	R	R	P
E	E	A	E	A	H	E	L	G	G	V	A	I	A	G	D	V	P
R	R	F	H	G	Q	P	R	R	L	L	R	H	L	P	P	A	S
G	G	S	I	A	K	R	A	A	C	C	A	T	F	L	H	P	P
G	E	P	F	P	R	A	P	P	A	A	P	P	S	S	T	P	R
GGG	GAG	GCC	TTT	ACC	GGA	ACG	CCC	GCC	GCG	TCG	TCC	GCC	ACT	TCT	CCA	CCC	CGC
16749			16758			16767			16776			16785			16794		
CCC	CTC	CGG	AAA	TGG	CCT	TGC	GGG	CGG	CGC	AGC	AGG	CGG	TGA	AGA	GGT	GGG	GCG
P	L	R	K	W	P	C	G	R	R	S	R	R	*	R	G	G	A
P	S	G	N	G	L	A	G	G	A	A	G	G	E	E	V	G	R
P	P	E	M	A	L	R	A	A	Q	Q	A	V	K	R	W	G	G
R	R	R	F	E	I	Q	Q	Q	I	R	A	G	P	V	L	A	R
D	G	V	S	N	S	R	S	S	Y	A	L	V	Q	C	W	P	G
I	A	S	P	I	R	D	A	A	T	H	S	C	R	A	G	P	G
CTA	GCG	GCT	GCC	TTA	AGC	TAG	ACG	ACG	ACA	TAC	GCT	CGT	GGA	CCG	TGG	TCC	CGG
16803			16812			16821			16830			16839			16848		
GAT	CGC	CGA	CGG	AAT	TCG	ATC	TGC	TGC	TGT	ATG	CGA	GCA	CCT	GGC	ACC	AGG	GCC
D	R	R	R	N	S	I	C	C	C	M	R	A	P	G	T	R	A
I	A	D	G	I	R	S	A	A	V	C	E	H	L	A	P	G	P
S	P	T	E	F	D	L	L	L	Y	A	S	T	W	H	Q	G	P
V	A	P	R	G	L	C	V	Q	L	P	V	Q	H	A	P	V	H
S	P	Q	G	G	W	A	Y	R	C	R	C	R	T	P	P	S	M
P	R	S	A	A	G	P	M	G	A	A	A	G	P	P	R	P	C
GCC	TGC	CGA	CCG	GCG	GGG	TCC	GTA	TGG	ACG	TCG	CCG	TGG	ACC	ACC	CGC	CCC	TGT
16857			16866			16875			16884			16893			16902		
CGG	ACG	GCT	GGC	CGC	CCC	AGG	CAT	ACC	TGC	AGC	GGC	ACC	TGG	TGG	GCG	GGG	ACA
R	T	A	G	R	P	R	H	T	C	S	G	T	W	W	A	G	T
G	R	L	A	A	P	G	I	P	A	A	A	P	G	G	R	G	H
D	G	W	P	P	Q	A	Y	L	Q	R	H	L	V	G	G	D	M
E	G	Q	L	D	P	L	A	A	V	A	H	E	A	R	Q	F	E
S	A	R	S	I	L	C	P	Q	L	P	T	N	L	A	S	S	S

A R G P S * A P S C R R T * R A P V

ACG AGC GGG ACC TCT AGT CCG TCC CGA CGT TGC CGC ACA AGT CGC GCG ACC TTG
16911 16920 16929 16938 16947 16956
TGC TCG CCC TGG AGA TCA GGC AGG GCT GCA ACG GCG TGT TCA GCG CGC TGG AAC

C S P W R S G R A A T A C S A R W N
A R P G D Q A G L Q R R V Q R A G T
L A L E I R Q G C N G V F S A L E L

G D A V Q L G I R V A G A R Q D D G
A T P * R C A S G F R V L A S I T A
R R R S G A P R D S G C W R A S R R

AGC GGC AGC CGA TGG ACG TCC GGC TAG GCT TGG CGT GGT CGC GCG ACT AGC AGC
16965 16974 16983 16992 17001 17010
TCG CCG TCG GCT ACC TGC AGG CCG ATC CGA ACC GCA CCA GCG CGC TGA TCG TCG

S P S A T C R P I R T A P A R * S S
R R R L P A G R S E P H Q R A D R R
A V G Y L Q A D P N R T S A L I V A

G V V V S R R Q D V P P P H A G A E
A S L * P V G S I S R H R I P G P K
R R C S R F A A S R G T A S P G R S

GGC GGC TGT TGA TGC CTT GCG GCG ACT AGC TGG CCA CCG CCT ACC CGG GGC CGA
17019 17028 17037 17046 17055 17064
CCG CCG ACA ACT ACG GAA CGC CGC TGA TCG ACC GGT GGC GGA TGG GCC CCG GCT

P P T T T E R R * S T G G G W A P A
R R Q L R N A A D R P V A D G P R L
A D N Y G T P L I D R W R M G P G F

D A A I R E R G P A A L P G A E G P
M P P S A S G G Q H Q L R G P K A R
* R R R H A G A R T S C A A R S R G

AGT AGC CGC CGC TAC GCG AGG GCG GGA CCA CGA CGT TCG CCG GGC CGA AGC GGG
17073 17082 17091 17100 17109 17118
TCA TCG GCG GCG ATG CGC TCC CGC CCT GGT GCT GCA AGC GGC CCG GCT TCG CCC

S S A A M R S R P G A A S G P A S P
H R R R C A P A L V L Q A A R L R P
I G G D A L P P W C C K R P G F A R

E A R H G G L P Q R L D L R Q V A T
S Q E T A E L P S G S I S D S C R P
A R S P P R W P A A P S R T A A G R

CCG AGA CGA GCC ACC GGA GGT TCC CCG ACG GCC TCT AGC TCA GCG ACG TGG CGC
17127 17136 17145 17154 17163 17172
GGC TCT GCT CGG TGG CCT CCA AGG GGC TGC CGG AGA TCG AGT CGC TGC ACC GCG

G S A R W P P R G C R R S S R C T A
A L L G G L Q G A A G D R V A A P R
L C S V A S K G L P E I E S L H R G

V L R Q E R R A D G P A T G G V E A
S S G N N G G L M V R P R A V S K L
H R A T T G A S C * G P G H W R S *

CAC TGC TCG GCA ACA AGG GCG GCT CGT AGT GGG CCC CGG CAC GGT GGC TGA AGT
17181 17190 17199 17208 17217 17226
GTG ACG AGC CGT TGT TCC CGC CGA GCA TCA CCC GGG GCC GTG CCA CCG ACT TCA

V T S R C S R R A S P G A V P P T S
* R A V V P A E H H P G P C H R L Q
D E P L F P P S I T R G R A T D F S

G T D A L L E G G A A G G E N R H G
A R I P W C N A V R L G A K T A I A
R G Y R G A T R W G C G R R R Q S P

CGC GGG CAT AGC CGG TCG TCA AGC GGT GGG CGT CGG GGC GGA AGC AAC GCT ACC
17235 17244 17253 17262 17271 17280
GCG CCC GTA TCG GCC AGC AGT TCG CCA CCC GCA GCC CCG CCT TCG TTG CGA TGG

A P V S A S S S P P A A P P S L R W
R P Y R P A V R H P Q P R L R C D G
A R I G Q Q F A T R S P A F V A M A

L N L V M H H V H G L A G Q G P G A
S I * S W I I S T A S R A R A P A P
R S E P G Y S P R P R A R G P R P R

GGC TCT AAG TCC TGG TAT ACT ACC TGC ACC GGC TCG CGC GGG ACC GGC CCC GGC
17289 17298 17307 17316 17325 17334
CCG AGA TTC AGG ACC ATA TGA TGG ACG TGG CCG AGC GCG CCC TGG CCG GGG CCG

P R F R T I * W T W P S A P W P G P
R D S G P Y D G R G R A R P G R G R
E I Q D H M M D V A E R A L A G A G

D P H R V D G A D G E H V I V R L P
M P I A S T A R T E K M F * * A F H
C R S P P R R G R R R * S S D R S T

CGT AGC CCT ACC GCC TGC AGC GGG CGC AGA GGA AGT ACT TGA TAG TGC GCT TCA
17343 17352 17361 17370 17379 17388
GCA TCG GGA TGG CGG ACG TCG CCC GCG TCT CCT TCA TGA ACT ATC ACG CGA AGT

A S G W R T S P A S P S * T I T R S
H R D G G R R P R L L H E L S R E V
I G M A D V A R V S F M N Y H A K W

R A T S F P P R P P A A T G T W T P
D L L A S H R G P P H R Q G P G R P
T S C H Q I A A Q P T G S D R D V H

CCA GCT CGT CAC GAC TTA CCG CCG GAC CCC CCA CGG CGA CAG GGC CAG GTG CAC
17397 17406 17415 17424 17433 17442
GGT CGA GCA GTG CTG AAT GGC GGC CTG GGG GGT GCC GCT GTC CCG GTC CAC GTG

G R A V L N G G L G G A A V P V H V
 V E Q C * M A A W G V P L S R S T W
 S S S A E W R P G G C R C P G P R G

 I R G P S R G S A P G A V M Q Q G H
 F E A P L D A V Q P A L S W R S D M
 S N P R S I P W K R P W R G D A T W

 CCT TAA GCC GGC CCT CTA GCC GGT GAA CGC CCC GGT CGC TGG TAG ACG ACA GGT
 17451 17460 17469 17478 17487 17496
 GGA ATT CGG CCG GGA GAT CGG CCA CTT GCG GGG CCA GCG ACC ATC TGC TGT CCA

 G I R P G D R P L A G P A T I C C P
 E F G R E I G H L R G Q R P S A V H
 N S A G R S A T C G A S D H L L S M

 F V D Y P G T L E G G A V V D Q L E
 S C M T R V P S S A G P S W T R C S
 P V C R V S R H A R G R R G R G A V

 ACC TTG TGT AGC ATG CCT GGC CAC TCG AGC GGG GGC CGC TGG TGC AGG ACG TTG
 17505 17514 17523 17532 17541 17550
 TGG AAC ACA TCG TAC GGA CCG GTG AGC TCG CCC CCG GCG ACC ACG TCC TGC AAC

 W N T S Y G P V S S P P A T T S C N
 G T H R T D R * A R P R R P R P A T
 E H I V R T G E L A P G D H V L Q L

 G R G R A Q H H G A G D K L N E F R
 A V A G P R T T D L A T R * T R S D
 R W P G P G P P T W R R G E P E R I

 AGC GGT GCC GGG GCC CGG ACC ACC ACA GGT CGC GGC AGG AAG TCC AAG AGC TTA
 17559 17568 17577 17586 17595 17604
 TCG CCA CGG CCC CGG GCC TGG TGG TGT CCA GCG CCG TCC TTC AGG TTC TCG AAT

 S P R P R A W W C P A P S F R F S N
 R H G P G P G G V Q R R P S G S R I
 A T A P G L V V S S A V L Q V L E S

 R V P V F S S Y R C R R V S Y A R S
 G S Q S S H H I G A V V F P I H G H
 A P S P R I I F V P L S S R F I G T

 GCG GCC TGA CCC TGC TTA CTA CTT ATG GCC GTT GCT GCT TGC CTT ATA CGG GCA
 17613 17622 17631 17640 17649 17658
 CGC CGG ACT GGG ACG AAT GAT GAA TAC CGG CAA CGA CGA ACG GAA TAT GCC CGT

 R R T G T N D E Y R Q R R T E Y A R
 A G L G R M M N T G N D E R N M P V
 P D W D E * * I P A T T N G I C P * M

 I G Q D G P P S G R E P P R P R S R
 Y G K I A R R V G E R R H G H D P D
 I D R S R G A S E R E G T A T T P I

 CTA TAG GGA ACT AGC GGG CCG CCT GAG GGA GAG AGG CCA CCG GCA CCA GCC CTA

17667				17676				17685				17694				17703				17712			
GAT	ATC	CCT	TGA	TCG	CCC	GGC	GGA	CTC	CCT	CTC	TCC	GGT	GGC	CGT	GGT	CGG	GAT						

D	I	P	*	S	P	G	G	L	P	L	S	G	G	R	G	R	D						
I	S	L	D	R	P	A	D	S	L	S	P	V	A	V	V	G	I						
Y	P	L	I	A	R	R	T	P	S	L	R	W	P	W	S	G	S						

I	G	T	G	R	H	H	*	S	A	R	R	I	R	P	G	T	S						
S	A	P	E	G	T	T	D	V	R	G	A	F	E	P	V	Q	Q						
P	H	R	N	G	P	P	T	L	E	G	P	S	N	Q	S	R	N						

GCC	TAC	GGC	CAA	GGG	GCC	ACC	ACA	GTT	GAG	CGG	GCC	GCT	TAA	GAC	CCT	GGA	CAA						
17721				17730				17739				17748				17757				17766			
CGG	ATG	CCG	GTT	CCC	CGG	TGG	TGT	CAA	CTC	GCC	CGG	CGA	ATT	CTG	GGA	CCT	GTT						

R	M	P	V	P	R	W	C	Q	L	A	R	R	I	L	G	P	V						
G	C	R	F	P	G	G	V	N	S	P	G	E	F	W	D	L	L						
D	A	G	S	P	V	V	S	T	R	P	A	N	S	G	T	C	*						

P	R	V	C	C	R	R	R	S	A	G	R	G	S	P	L	T	G						
R	G	S	A	V	G	D	A	L	H	G	G	V	A	P	F	L	V						
V	A	P	R	L	V	T	P	S	I	G	G	S	R	Q	S	S	Y						

CTG	CCG	GCC	TGC	GTT	GTG	GCA	GCC	GCT	CTA	CGG	GGG	GCT	GGC	GAC	CCT	TCT	CAT						
17775				17784				17793				17802				17811				17820			
GAC	GGC	CGG	ACG	CAA	CAC	CGT	CGG	CGA	GAT	GCC	CCC	CGA	CCG	CTG	GGA	AGA	GTA						

D	G	R	T	Q	H	R	R	R	D	A	P	R	P	L	G	R	V						
T	A	G	R	N	T	V	G	E	M	P	P	D	R	W	E	E	Y						
R	P	D	A	T	P	S	A	R	C	P	P	T	A	G	K	S	T						

P	S	R	D	A	T	R	H	P	A	A	S	P	S	E	S	R	C						
P	V	E	T	R	P	E	I	R	R	Q	P	R	R	N	A	G	A						
R	S	K	P	G	R	N	S	A	A	S	R	V	A	I	R	E	P						

GGC	CCT	GAA	GCC	AGG	CGC	CAA	GCT	ACG	CCG	CGA	CGC	CTG	CCG	CTA	AGC	GAG	GCC						
17829				17838				17847				17856				17865				17874			
CCG	GGA	CTT	CGG	TCC	GCG	GTT	CGA	TGC	GGC	GCT	GCG	GAC	GGC	GAT	TCG	CTC	CGG						

P	G	L	R	S	A	V	R	C	G	A	A	D	G	D	S	L	R						
R	D	F	G	P	R	F	D	A	A	L	R	T	A	I	R	S	G						
G	T	S	V	R	G	S	M	R	R	C	G	R	R	F	A	P	A						

N	G	P	R	R	C	L	P	N	R	R	R	T	R	R	C	R	A						
T	E	Q	V	V	V	Y	R	T	E	V	G	L	E	E	A	D	R						
L	K	R	S	S	S	M	A	P	K	S	A	S	N	K	P	M	E						

GTC	AAA	GGA	CCT	GCT	GCT	GTA	TCG	CCC	AAA	GCT	GCG	GCT	CAA	GAA	GCC	GTA	GAG						
17883				17892				17901				17910				17919				17928			
CAG	TTT	CCT	GGA	CGA	CGA	CAT	AGC	GGG	TTT	CGA	CGC	CGA	GTT	CTT	CGG	CAT	CTC						

Q	F	P	G	R	R	H	S	G	F	R	R	R	V	L	R	H	L						
S	F	L	D	D	D	I	A	G	F	D	A	E	F	F	G	I	S						
V	S	W	T	T	T	*	R	V	S	T	P	S	S	S	A	S	R						

A	R	P	R	A	S	P	G	A	A	A	G	S	A	P	P	P	R						
R	A	L	G	L	Q	H	V	R	L	L	A	Q	H	Q	L	H	G						

G	R	S	A	S	S	I	S	G	C	C	R	R	I	S	S	T	A
CGG	CGC	GCT	CCG	GCT	CGA	CTA	CCT	GGG	CGT	CGT	CGC	GGA	CTA	CGA	CCT	CCA	CCG
17937		17946		17955		17964		17973		17982							
GCC	GCG	CGA	GGC	CGA	GCT	GAT	GGA	CCC	GCA	GCA	GCG	CCT	GAT	GCT	GGA	GGT	GGC

A	A	R	G	R	A	D	G	P	A	A	A	P	D	A	G	G	G
P	R	E	A	E	L	M	D	P	Q	Q	R	L	M	L	E	V	A
R	A	R	P	S	*	W	T	R	S	S	A	*	C	W	R	W	P

A	P	V	P	A	R	P	C	G	A	A	C	G	P	L	S	R	C
P	L	C	Q	L	V	R	A	D	R	R	V	G	Q	C	P	G	V
Q	C	A	S	S	C	A	P	M	G	G	C	V	R	A	P	V	S

GAC	CGT	CCG	TGA	CCT	CGT	GCG	CCC	GTA	GGG	CGG	CGT	GTG	GGA	CCG	TCC	CTG	GCT
17991		18000		18009		18018		18027		18036							
CTG	GCA	GGC	ACT	GGA	GCA	CGC	GGG	CAT	CCC	GCC	GCA	CAC	CCT	GGC	AGG	GAC	CGA

L	A	G	T	G	A	R	G	H	P	A	A	H	P	G	R	D	R
W	Q	A	L	E	H	A	G	I	P	P	H	T	L	A	G	T	D
G	R	H	W	S	T	R	A	S	R	R	T	P	W	Q	G	P	T

R	H	T	R	R	P	R	C	R	R	S	H	R	R	V	A	P	L
G	T	H	E	G	P	D	A	G	V	V	I	A	G	S	P	Q	F
V	P	T	N	A	P	T	Q	V	*	S	*	P	A	P	R	S	S

GTG	GCC	ACA	CAA	GCG	GCC	CCA	GAC	GTG	GAT	GCT	GAT	ACC	GCG	GCC	TGC	CGA	CCT
18045		18054		18063		18072		18081		18090							
CAC	CGG	TGT	GTT	CGC	CGG	GGT	CTG	CAC	CTA	CGA	CTA	TGG	CGC	CGG	ACG	GCT	GGA

H	R	C	V	R	R	G	L	H	L	R	L	W	R	R	T	A	G
T	G	V	F	A	G	V	C	T	Y	D	Y	G	A	G	R	L	E
P	V	C	S	P	G	S	A	P	T	T	M	A	P	D	G	W	K

G	A	S	C	R	R	M	S	P	S	R	R	P	P	T	R	R	T
V	Q	R	V	D	V	C	P	R	P	D	A	R	R	H	A	G	H
S	R	G	F	M	S	A	H	V	P	I	P	A	A	T	H	A	T

TCT	GGA	CGG	CTT	GTA	GCT	GCG	TAC	CTG	CCC	CTA	GCC	GCG	CCG	CCA	CAC	GCG	GCA
18099		18108		18117		18126		18135		18144							
AGA	CCT	GCC	GAA	CAT	CGA	CGC	ATG	GAC	GGG	GAT	CGG	CGC	GGC	GGT	GTG	CGC	CGT

R	P	A	E	H	R	R	M	D	G	D	R	R	G	G	V	R	R
D	L	P	N	I	D	A	W	T	G	I	G	A	A	V	C	A	V
T	C	R	T	S	T	H	G	R	G	S	A	R	R	C	A	P	C

W	G	R	R	E	R	A	R	G	A	R	A	W	G	R	W	R	C
G	V	A	D	R	V	R	E	V	Q	A	P	G	A	E	G	D	V
D	L	R	T	E	*	A	S	S	R	R	P	G	L	R	E	M	S

CAG	GTT	GGC	GCA	GAG	AGT	GCG	CGA	GCT	GGA	CGC	GCC	CGG	GTC	GGA	GAG	GTA	GCT
18153		18162		18171		18180		18189		18198							
GTC	CAA	CCG	CGT	CTC	TCA	CGC	GCT	CGA	CCT	GCG	CGG	GCC	CAG	CCT	CTC	CAT	CGA

V	Q	P	R	L	S	R	A	R	P	A	R	A	Q	P	L	H	R
S	N	R	V	S	H	A	L	D	L	R	G	P	S	L	S	I	D
P	T	A	S	L	T	R	S	T	C	A	G	P	A	S	P	S	T

```

R T S P R G P P A A C R R A S G A A
G R A R G G Q H R Q V G G R L A Q P
V A H E A E R T A S C V A A C L R R
---
GTG GCG CAC GAG CCG GAG GGA CCA CCG CGA CGT GTG GCG GCG CGT CTC GGA CGC
18207 18216 18225 18234 18243 18252
CAC CGC GTG CTC GGC CTC CCT GGT GGC GCT GCA CAC CGC CGC GCA GAG CCT GCG
---
H R V L G L P G G A A H R R A E P A
T A C S A S L V A L H T A A Q S L R
P R A R P P W W R C T P P R R A C G
---
R R T C R P A P R P R * G A P T V P
E A L A G H R Q G P A D V Q Q H * R
S P S H V T A S A P P T L R S T D G
---
CGA GCC GCT CAC GTG GCA CCG CGA CCG GCC CCC GCA GTT GGA CGA CCA CAG TGG
18261 18270 18279 18288 18297 18306
GCT CGG CGA GTG CAC CGT GGC GCT GGC CGG GGG CGT CAA CCT GCT GGT GTC ACC
---
A R R V H R G A G R G R Q P A G V T
L G E C T V A L A G G V N L L V S P
S A S A P W R W P G A S T C W C H R
---
G S S R G P C P R R A P A R R G S C
A L R D G Q A R G A R Q R G V A P A
P W V I A R P V A P A S A G S P R L
---
CCC GGT CTG CTA GCG GGA CCC GTG CCG GCC GCG CGA CCG CGG GCT GCC GGC CTC
18315 18324 18333 18342 18351 18360
GGG CCA GAC GAT CGC CCT GGG CAC GGC CGG CGC GCT GGC GCC CGA CGG CCG GAG
---
G P D D R P G H G R R A G A R R P E
G Q T I A L G T A G A L A P D G R S
A R R S P W A R P A R W R P T A G A
---
A T R R T P R V S R R Q R T P R R S
L R E G R R G S A V G N G R R G V A
L G N A A D A P R * A T A A D A S P
---
GTT CGG CAA GCG GCG CAG CCG GCC TGC GAT GCG GCA ACG GCG CAG CCG GCT GCC
18369 18378 18387 18396 18405 18414
CAA GCC GTT CGC CGC GTC GGC CGG ACG CTA CGC CGT TGC CGC GTC GGC CGA CGG
---
Q A V R R V G R T L R R C R V G R R
K P F A A S A G R Y A V A A S A D G
S R S P R R P D A T P L P R R P T A
---
R G R R P S R R A P * * A A S P R R
V A A A L A A A H Q D D L Q Q R V G
* P R P S P Q P T S T M L S S V S A
---
GAT GCC GGC GCC GCT CCC GAC GCC GCA CGA CCA GTA GTT CGA CGA CTG CCT GCG
18423 18432 18441 18450 18459 18468
CTA CGG CCG CGG CGA GGG CTG CGG CGT GCT GGT CAT CAA GCT GCT GAC GGA CGC
---

```

L R P R R G L R R A G H Q A A D G R
 Y G R G E G C G V L V I K L L T D A
 T A A A R A A A C W S S S C * R T P

 V R R H G P A P P A A R C R T * G P
 Y A V T V P H Q R H Q A A A R E V L
 T R S P S R T S A T S R P L A N L W

 GCA TGC GCT GCC ACT GGC CCA CGA CCG CCA CGA CGC GCC GTC GCG CAA GTT GGT
 18477 18486 18495 18504 18513 18522
 CGT ACG CGA CGG TGA CCG GGT GCT GGC GGT GCT GCG CGG CAG CGC GTT CAA CCA

 R T R R * P G A G G A A R Q R V Q P
 V R D G D R V L A V L R G S A F N Q
 Y A T V T G C W R C C A A A R S T R

 R A C W R C * P G R R A P G P A R *
 V P A G V A D H G G A P L G L L V D
 S P R V L P M M A G Q P C A W S C T

 CCT GCC CGC GTG GTT GCC GTA GTA CCG GGG GAC GCC CGT CCG GGT CCT CGT GCA
 18531 18540 18549 18558 18567 18576
 GGA CGG GCG CAC CAA CGG CAT CAT GGC CCC CTG CGG GCA GGC CCA GGA GCA CGT

 G R A H Q R H H G P L R A G P G A R
 D G R T N G I M A P C G Q A Q E H V
 T G A P T A S W P P A G R P R S T S

 S A R G S P R P R R Q R C R Q S R R
 H P A G Q R G R A D S G V G N V E D
 M L R A R V A A P T A A S V T S K T

 GTA CTC CGC GCG GGA CTG CCG GCG CCC GCA GCG ACG GCT GTG GCA ACT GAA GCA
 18585 18594 18603 18612 18621 18630
 CAT GAG GCG CGC CCT GAC GGC CGC GGG CGT CGC TGC CGA CAC CGT TGA CTT CGT

 H E A R P D G R G R R C R H R * L R
 M R R A L T A A G V A A D T V D F V
 * G A P * R P R A S L P T P L T S S

 P G R C R Y G G R R G W P S R R S R
 L G V A G T G A E A V G H L D A R D
 S A W P V P V R R P S G M S I P A I

 GCT CCG GGT GCC GTG GCC ATG GGC GGA GCC GCT GGG GTA CCT CTA GCC GCG CTA
 18639 18648 18657 18666 18675 18684
 CGA GGC CCA CGG CAC CGG TAC CCG CCT CGG CGA CCC CAT GGA GAT CGG CGC GAT

 R G P R H R Y P P R R P H G D R R D
 E A H G T G T R L G D P M E I G A I
 R P T A P V P A S A T P W R S A R S

 R R R R V H G S R D P A T R P R T P
 G G D V S T V A G T L L R A R D P R
 A A T * P R S R E P * S G H A T P D

 GCG GCG GCA GAT GCC TGC ACT GGC GAG GCC AGT CCT CGG CAC GCG CCA GCC CAG

18693				18702				18711				18720				18729				18738			
CGC	CGC	CGT	CTA	CGG	ACG	TGA	CCG	CTC	CGG	TCA	GGA	GCC	GTG	CGC	GGT	CGG	GTC						
R	R	R	L	R	T	*	P	L	R	S	G	A	V	R	G	R	V						
A	A	V	Y	G	R	D	R	S	G	Q	E	P	C	A	V	G	S						
P	P	S	T	D	V	T	A	P	V	R	S	R	A	R	S	G	R						
S	T	W	C	R	A	D	P	P	P	R	R	P	R	R	P	*	*						
H	L	G	V	D	P	M	Q	L	P	G	G	P	D	G	P	D	D						
T	F	D	L	M	P	C	R	S	P	A	A	P	T	A	P	T	M						
CCA	CTT	CAG	GTT	GTA	GCC	CGT	AGA	CCT	CCC	CCG	GCG	GCC	CCA	GCG	GCC	CCA	GTA						
18747				18756				18765				18774				18783				18792			
GGT	GAA	GTC	CAA	CAT	CGG	GCA	TCT	GGA	GGG	GGC	CGC	CGG	GGT	CGC	CGG	GGT	CAT						
G	E	V	Q	H	R	A	S	G	G	G	R	R	G	R	R	G	H						
V	K	S	N	I	G	H	L	E	G	A	A	G	V	A	G	V	I						
*	S	P	T	S	G	I	W	R	G	P	P	G	S	P	G	S	S						
P	S	G	R	G	R	R	P	G	S	G	P	W	G	A	P	R	R						
L	R	D	E	G	E	V	L	V	P	D	R	G	A	Q	Q	V	A						
L	A	I	R	A	R	S	S	S	R	I	G	A	L	R	S	S	P						
GTT	CCG	CTA	GGA	GCG	GGA	GCT	GCT	CCT	GGC	CTA	GGG	CCG	GTC	GGA	CGA	CCT	GCC						
18801				18810				18819				18828				18837				18846			
CAA	GGC	GAT	CCT	CGC	CCT	CGA	CGA	GGA	CCG	GAT	CCC	GGC	CAG	CCT	GCT	GGA	CGG						
Q	G	D	P	R	P	R	R	G	P	D	P	G	Q	P	A	G	R						
K	A	I	L	A	L	D	E	D	R	I	P	A	S	L	L	D	G						
R	R	S	S	P	S	T	R	T	G	S	R	P	A	C	W	T	A						
G	S	G	R	S	R	S	P	R	G	R	C	G	A	P	S	G	P						
V	R	V	G	L	D	V	P	G	A	E	V	D	P	Q	R	G	P						
S	G	F	G	S	I	S	Q	A	P	R	S	M	R	S	A	V	R						
GCT	GGG	CTT	GGG	GCT	CTA	GCT	GAC	CCG	GCC	GGA	GCT	GTA	GGC	CGA	CCG	CTG	GGC						
18855				18864				18873				18882				18891				18900			
CGA	CCC	GAA	CCC	CGA	GAT	CGA	CTG	GGC	CGG	CCT	CGA	CAT	CCG	GCT	GGC	GAC	CCG						
R	P	E	P	R	D	R	L	G	R	P	R	H	P	A	G	D	P						
D	P	N	P	E	I	D	W	A	G	L	D	I	R	L	A	T	R						
T	R	T	P	R	S	T	G	P	A	S	T	S	G	W	R	P	G						
G	A	T	A	R	A	D	A	G	G	G	P	P	Q	T	R	N	R						
G	Q	R	P	G	L	T	R	V	G	A	P	R	S	H	G	T	E						
A	R	G	H	G	S	R	G	C	G	R	R	A	A	T	D	P	K						
CCG	GGA	CGG	CAC	CGG	GCT	CGC	AGG	CGT	GGG	GGC	GGC	CCG	CCG	ACA	CAG	GCC	AAA						
18909				18918				18927				18936				18945				18954			
GGC	CCT	GCC	GTG	GCC	CGA	GCG	TCC	GCA	CCC	CCG	CCG	GGC	GGC	TGT	GTC	CGG	TTT						
G	P	A	V	A	R	A	S	A	P	P	P	G	G	C	V	R	F						
A	L	P	W	P	E	R	P	H	P	R	R	A	A	V	S	G	F						
P	C	R	G	P	S	V	R	T	P	A	G	R	L	C	P	V	S						
S	R	R	C	R	P	G	H	P	G	R	V	P	A	W	R	A	R						
A	V	A	A	G	H	G	M	H	D	E	F	L	R	G	G	R	G						

P * P P V T A W T T R S C A G V A G

GCC GAT GCC GCC GTG GCA CCG GGT ACA CCA GGA GCT TGT CCG CGG GTG GCG CGG
18963 18972 18981 18990 18999 19008
CGG CTA CGG CGG CAC CGT GGC CCA TGT GGT CCT CGA ACA GGC GCC CAC CGC GCC

R L R R H R G P C G P R T G A H R A
G Y G G T V A H V V L E Q A P T A P
A T A A P W P M W S S N R R P P R P

G G R A P A P R F G T G P T R P R G
G A G R R L R G S G Q E R H G R G G
A R G A G S G A P V R N G T D A A E

GCG GGC GGG GCG CGG CCT CGG CCG GCC TTG GGA CAA GGG CCA CAG GCG CCG GAG
19017 19026 19035 19044 19053 19062
CGC CCG CCC CGC GCC GGA GCC GGC CGG AAC CCT GTT CCC GGT GTC CGC GGC CTC

R P P R A G A G R N P V P G V R G L
A R P A P E P A G T L F P V S A A S
P A P R R S R P E P C S R C P R P P

P P A G H G R P R A R R A P R P P R
R L R E T V A R G R E G L P D L L A
G S A S R S R A A A S A S R T S S P

GGG CCT CCG CGA GGC ACT GGC GCG CCG GCG CGA GCG GCT CGC CCA GCT CCT CCC
19071 19080 19089 19098 19107 19116
CCC GGA GGC GCT CCG TGA CCG CGC GGC CGC GCT CGC CGA GCG GGT CGA GGA GGG

P G G A P * P R G R A R R A G R G G
P E A L R D R A A A L A E R V E E G
R R R S V T A R P R S P S G S R R A

Q G P R P R A C G P G D A T G A P G
S V Q G R D P V G Q G M P L G R Q D
A S R A E T P C V R A W R C D G S T

GCG ACT GGA CCG GAG CCA GCC CGT GTG GGA CCG GGT AGC CGT CAG GGG CGA CCA
19125 19134 19143 19152 19161 19170
CGC TGA CCT GGC CTC GGT CGG GCA CAC CCT GGC CCA TCG GCA GTC CCC GCT GGT

R * P G L G R A H P G P S A V P A G
A D L A S V G H T L A H R Q S P L V
L T W P R S G T P W P I G S P R W S

G P P R R P S R G P R V P R R A A R
V P R G D H R G A P V F Q G G P Q A
W R A A T T A V P R S S S A A P S R

GGT GGC CCG CCG GCA GCA CCG CTG GCC GGC CCT GCT TGA CCG GCG GCC CGA CGC
19179 19188 19197 19206 19215 19224
CCA CCG GGC GGC CGT CGT GGC GAC CGG CCG GGA CGA ACT GGC CGC CGG GCT GCG

P P G G R R G D R P G R T G R R A A
H R A A V V A T G R D E L A A G L R
T G R P S W R P A G T N W P P G C A

A P W E P V R A R D R * R P R A A P
 R Q G S L F G R G T E D G P G R Q R
 A S A V * S G A G P R T V P A A S G

 GCG CGA CCG GTG AGT CCT TGG GCG CGG GCC AGA GCA GTG GCC CCG GCG CGA CGG
 19233 19242 19251 19260 19269 19278
 CGC GCT GGC CAC TCA GGA ACC CGC GCC CGG TCT CGT CAC CGG GGC CGC GCT GCC

 R A G H S G T R A R S R H R G R A A
 A L A T Q E P A P G L V T G A A L P
 R W P L R N P R P V S S P G P R C R

 H R G D R R P T R P D R T G T P R S
 I G A T G D P H E R T V P G L P G P
 S A P R G T Q T N E P * P D W H A P

 CCT ACG GCC GGC AGG GCA GAC CCA CAA GAG CCC AGT GCC CAG GGT CAC CCG GCC
 19287 19296 19305 19314 19323 19332
 GGA TGC CGG CCG TCC CGT CTG GGT GTT CTC GGG TCA CGG GTC CCA GTG GGC CGG

 G C R P S R L G V L G S R V P V G R
 D A G R P V W V F S G H G S Q W A G
 M P A V P S G C S R V T G P S G P G

 P G R V A P L R A P R R R P S R R V
 H A A F Q Q F G L R D E G L H D V F
 I P R S S S S A S G T K A S T I S S

 CTA CCC GGC GCT TGA CGA CCT TCG GCT CGG CCA GAA GCG GCT CCA CTA GCT GCT
 19341 19350 19359 19368 19377 19386
 GAT GGG CCG CGA ACT GCT GGA AGC CGA GCC GGT CTT CGC CGA GGT GAT CGA CGA

 D G P R T A G S R A G L R R G D R R
 M G R E L L E A E P V F A E V I D E
 W A A N C W K P S R S S P R * S T N

 P A P T * P P S R T R A G A S A A P
 Q L R H E L L L D P E R G P L H Q Q
 S S G T N L S S I P N E G R C I S S

 TGA CCT CGG CCA CAA GTT CCT CCT CTA GCC CAA GAG CGG GGC CGT CTA CGA CGA
 19395 19404 19413 19422 19431 19440
 ACT GGA GCC GGT GTT CAA GGA GGA GAT CGG GTT CTC GCC CCG GCA GAT GCT GCT

 T G A G V Q G G D R V L A P A D A A
 L E P V F K E E I G F S P R Q M L L
 W S R C S R R R S G S R P G R C C W

 P R G C R P R R R G S W S R R S A A
 L A V V G L D V A G L G H D E R H L
 S P S W V S T S P A W V M I K A I C

 CCT CCC GCT GGT GTG GCT CCA GCT GCC GCG GGT CTG GTA CTA GAA GCG CTA CGT
 19449 19458 19467 19476 19485 19494
 GGA GGG CGA CCA CAC CGA GGT CGA CGG CGC CCA GAC CAT GAT CTT CGC GAT GCA

G G R P H R G R R R P D H D L R D A
 E G D H T E V D G A Q T M I F A M Q
 R A T T P R S T A P R P * S S R C S

 R A R R A T A T V P R R A R R R * R
 E P E G R Q P P * P A D L G G G D D
 S P S A A S H R D R P T S G A A T M

 CGA GCC CGA GCG GCG CGA CAC CGC CAG TGC CCC GCA GCT CGG GCG GCG GCA GTA
 19503 19512 19521 19530 19539 19548
 GCT CGG GCT CGC CGC GCT GTG GCG GTC ACG GGG CGT CGA GCC CGC CGC CGT CAT

 A R A R R A V A V T G R R A R R R H
 L G L A A L W R S R G V E P A A V I
 S G S P R C G G H G A S S P P P S S

 G S P R H S R R R R * R R P A S R S
 A V R D T L D G G G D G G P R Q G H
 P W E T P S I A A A T V A P A S V T

 GCC GGT GAG CCA GCC ACT CTA GCG GCG GCG GCA GTG GCG GCC CCG CGA CTG GCA
 19557 19566 19575 19584 19593 19602
 CGG CCA CTC GGT CGG TGA GAT CGC CGC CGC CGT CAC CGC CGG GGC GCT GAC CGT

 R P L G R * D R R R R H R R G A D R
 G H S V G E I A A A V T A G A L T V
 A T R S V R S P P P S P P G R * P *

 R R P G A S R G Y T A A A A R P R P
 G V P G P Q D A T P R Q Q Q A L G R
 V S P A R S I Q R L D S S S R S A A

 CTG GCT GCC CCG GGC CGA CTA GAC GGC ATC CAG CGA CGA CGA CGC GCT CCG GCG
 19611 19620 19629 19638 19647 19656
 GAC CGA CGG GGC CCG GCT GAT CTG CCG TAG GTC GCT GCT GCT GCG CGA GGC CGC

 D R R G P A D L P * V A A A A R G R
 T D G A R L I C R R S L L L R E A A
 P T G P G * S A V G R C C C A R P R

 A H R S P S P * D A R R R P R R A A
 P T A R H R H D T Q G E V L G G L P
 P R P A I A I T L R G K S S A A S R

 CCC CGC ACC GCG CTA CCG CTA CCA GTC AGA CGG GAA GCT GCT CCG GCG GCT CGC
 19665 19674 19683 19692 19701 19710
 GGG GCG TGG CGC GAT GGC GAT GGT CAG TCT GCC CTT CGA CGA GGC CGC CGA GCG

 G A W R D G D G Q S A L R R G R R A
 G R G A M A M V S L P F D E A A E R
 G V A R W R W S V C P S T R P P S G

 R P C H R P P R P W R T R S S T W R
 E R A I V R H D R G D R G R R R G G
 S A P L S A T T A A M A D E V V D V

 CGA GCG CCC GTT ACT GCG CCA CCA GCG CCG GTA GCG CAG GAG CTG CTG CAG GTG

19719				19728				19737				19746				19755				19764	
GCT	CGC	GGG	CAA	TGA	CGC	GGT	GGT	CGC	GGC	CAT	CGC	GTC	CTC	GAC	GAC	GTC	CAC				
A	R	G	Q	*	R	G	G	R	G	H	R	V	L	D	D	V	H				
L	A	G	N	D	A	V	V	A	A	I	A	S	S	T	T	S	T				
S	R	A	M	T	R	W	S	R	P	S	R	P	R	R	R	R	P				
S	R	R	H	G	R	R	P	R	S	P	R	R	G	S	S	R	R				
H	D	G	T	V	G	A	L	D	L	L	D	D	A	A	P	G	V				
T	I	E	P	S	G	P	S	T	S	F	T	T	P	R	Q	V	S				
GCA	CTA	GAG	GCC	ACT	GGG	GCC	GCT	CCA	GCT	CTT	CCA	GCA	GCC	GGC	GAC	CTG	GCT				
19773				19782				19791				19800				19809				19818	
CGT	GAT	CTC	CGG	TGA	CCC	CGG	CGA	GGT	CGA	GAA	GGT	CGT	CGG	CCG	CTG	GAC	CGA				
R	D	L	R	*	P	R	R	G	R	E	G	R	R	P	L	D	R				
V	I	S	G	D	P	G	E	V	E	K	V	V	G	R	W	T	D				
*	S	P	V	T	P	A	R	S	R	R	S	S	A	A	G	P	T				
P	A	P	R	V	A	P	R	R	R	R	P	R	G	C	G	A	C				
L	P	Q	D	Y	P	P	D	G	G	V	H	G	E	V	A	R	V				
S	P	S	T	T	R	R	T	A	E	S	T	A	K	W	L	G	C				
GCT	CCC	CGA	CCA	GCA	TGC	CGC	CCA	GCG	GAG	GCT	GCA	CCG	GAA	GGT	GTC	GGG	CGT				
19827				19836				19845				19854				19863				19872	
CGA	GGG	GCT	GGT	CGT	ACG	GCG	GGT	CGC	CTC	CGA	CGT	GGC	CTT	CCA	CAG	CCC	GCA				
R	G	A	G	R	T	A	G	R	L	R	R	G	L	P	Q	P	A				
E	G	L	V	V	R	R	V	A	S	D	V	A	F	H	S	P	H				
R	G	W	S	Y	G	G	S	P	P	T	W	P	S	T	A	R	T				
P	G	G	A	R	G	A	A	R	P	R	R	R	A	S	D	W	R				
H	V	G	Q	E	V	P	Q	A	R	G	G	V	L	Q	T	G	A				
M	S	G	R	S	S	R	S	R	A	A	A	S	S	S	L	G	L				
GTA	CCT	GGG	GGA	CGA	GCT	GGC	CGA	CGC	GCG	CCG	GCG	GCT	GCT	CGA	CTC	AGG	GTC				
19881				19890				19899				19908				19917				19926	
CAT	GGA	CCC	CCT	GCT	CGA	CCG	GCT	GCG	CGC	GGC	CGC	CGA	CGA	GCT	GAG	TCC	CAG				
H	G	P	P	A	R	P	A	A	R	G	R	R	R	A	E	S	Q				
M	D	P	L	L	D	R	L	R	A	A	A	D	E	L	S	P	S				
W	T	P	C	S	T	G	C	A	R	P	P	T	S	*	V	P	A				
V	A	C	A	A	R	C	S	P	A	R	P	G	A	P	W	P	S				
C	R	V	R	R	E	V	R	R	R	E	R	V	R	P	G	R	H				
A	G	C	V	G	S	*	V	V	A	S	A	S	G	R	A	V	T				
GCG	TGG	CGT	GTG	CGG	CGA	GAT	GTG	CTG	CCG	CGA	GCG	CCT	GGG	CGC	CCG	GTG	CCA				
19935				19944				19953				19962				19971				19980	
CGC	ACC	GCA	CAC	GCC	GCT	CTA	CAC	GAC	GGC	GCT	CGC	GGA	CCC	GCG	GGC	CAC	GGT				
R	T	A	H	A	A	L	H	D	G	A	R	G	P	A	G	H	G				
A	P	H	T	P	L	Y	T	T	A	L	A	D	P	R	A	T	V				
H	R	T	R	R	S	T	R	R	R	S	R	T	R	G	P	R	*				
R	R	R	R	T	S	P	P	S	G	A	C	G	P	A	A	R	R				
G	G	V	A	R	V	P	R	R	V	Q	A	V	R	H	P	E	G				

V A S P A Y Q A A F R R L G T R S A

CTG GCG GCT GCC GCG CAT GAC CCG CCG CTT GGA CGC GTT GGG CCA CGC CGA GCG
19989 19998 20007 20016 20025 20034
GAC CGC CGA CGG CGC GTA CTG GGC GGC GAA CCT GCG CAA CCC GGT GCG GCT CGC

D R R R R V L G G E P A Q P G A A R
T A D G A Y W A A N L R N P V R L A
P P T A R T G R R T C A T R C G S P

R S * R P P R P R G G P T R R A T G
G R D G R R G L V A V P R E D L Q G
A A I V A A A S S P W R A N T S S D

GCG GCG CTA GTG GCG CCG CCG GCT CCT GCC GGT GGC CCG CAA GCA GCT CGA CAG
20043 20052 20061 20070 20079 20088
CGC CGC GAT CAC CGC GGC GGC CGA GGA CGG CCA CCG GGC GTT CGT CGA GCT GTC

R R D H R G G R G R P P G V R R A V
A A I T A A A E D G H R A F V E L S
P R S P R R P R T A T G R S S S C P

A G R P R A S S G R S A P R V R R P
R V G H D R V R D V L R Q G F A A H
G C G T T A C E I W S V S A S R P T

GGG CGT GGG GCA CCA GCG CGT GAG CTA GGT GCT CTG CGA CCG GCT TGC GCC GCA
20097 20106 20115 20124 20133 20142
CCC GCA CCC CGT GGT CGC GCA CTC GAT CCA CGA GAC GCT GGC CGA ACG CGG CGT

P A P R G R A L D P R D A G R T R R
P H P V V A H S I H E T L A E R G V
R T P W S R T R S T R R W P N A A W

P R T R R V S A V A C G A R P G S R
L V H E D S R R * P A V L G L G P G
S S T N T P G V S R R L W G S A R V

CCT CCT GCA CAA GCA GCC TGG CTG CGA TGC CGC GTT GGT CGG GCT CCG GGC CTG
20151 20160 20169 20178 20187 20196
GGA GGA CGT GTT CGT CGG ACC GAC GCT ACG GCG CAA CCA GCC CGA GGC CCG GAC

G G R V R R T D A T A Q P A R G P D
E D V F V G P T L R R N Q P E A R T
R T C S S D R R Y G A T S P R P G P

G R R R P R R G S G R R S R P S T P
E A G G H A G G V A V A H A H V P R
K R A A T P A A W Q W P T L T S Q D

GAA GGC GCG GCG GCA CCC GCG GCG GGT GAC GGT GCC GCA CTC GCA CCT GAC CAG
20205 20214 20223 20232 20241 20250
CTT CCG CGC CGC CGT GGG CGC CGC CCA CTG CCA CGG CGT GAG CGT GGA CTG GTC

L P R R R G R R P L P R R E R G L V
F R A A V G A A H C H G V S V D W S
S A P P W A P P T A T A * A W T G R

A G A S R S G R L G A A R G R A A G
 R E L R V P V E F D Q R G V G P L V
 A S W G F P F R S T R G G * G Q C C

 CCG CGA GGT CGG CTT GCC CTT GGA GCT TCA GGA CGG CGG GAT GGG GAC CGT CGT
 20259 20268 20277 20286 20295 20304
 GGC GCT CCA GCC GAA CGG GAA CCT CGA AGT CCT GCC GCC CTA CCC CTG GCA GCA

 G A P A E R E P R S P A A L P L A A
 A L Q P N G N L E V L P P Y P W Q H
 R S S R T G T S K S C R P T P G S T

 G A T A N W R R P A L P R A R G R R
 A R Q P T G D G P R S R G L A A V V
 R G S H R E M A P A R A A S R P W S

 GGC GGG CGA CAC CGC AAG GTA GCG GCC CCG CGC TCG CCG GCT CGC GCC GGT GCT
 20313 20322 20331 20340 20349 20358
 CCG CCC GCT GTG GCG TTC CAT CGC CGG GGC GCG AGC GGC CGA GCG CGG CCA CGA

 P P A V A F H R R G A S G R A R P R
 R P L W R S I A G A R A A E R G H D
 A R C G V P S P G R E R P S A A T T

 R S G C A A P C A R R R R P C R G A
 D V G V R Q Q A R G A A D R A A V Q
 T S E W V S S P V G P P T A P L S R

 GCA GCT GAG GGT GTG CGA CGA CCC GTG CGG GCC GCC GCA GCG CCC GTC GCT GGA
 20367 20376 20385 20394 20403 20412
 CGT CGA CTC CCA CAC GCT GCT GGG CAC GCC CGG CGG CGT CGC GGG CAG CGA CCT

 R R L P H A A G H A R R R R G Q R P
 V D S H T L L G T P G G V A G S D L
 S T P T R C W A R P A A S R A A T C

 A T A C C A P R R C G G T G P C G R
 P Q P V A R Q V V V A A R V R A A V
 R S H C L V S S S S L R G Y G P L W

 CGC CGA CAC CGT GTC GTG CGA CCT GCT GCT GTC GGC GGG CAT GGG CCC GTC GGT
 20421 20430 20439 20448 20457 20466
 GCG GCT GTG GCA CAG CAC GCT GGA CGA CGA CAG CCG CCC GTA CCC GGG CAG CCA

 A A V A Q H A G R R Q P P V P G Q P
 R L W H S T L D D D S R P Y P G S H
 G C G T A R W T T T A A R T R A A T

 G * R R P S R G P R R A P P * T G P
 G E V A H L D D R G G H Q R D R E Q
 A R L P T S I T G A A T S A T V N R

 GCG GGA GTT GCC GCA CCT CTA GCA GGG CCG GCG GCA CGA CCG CCA GTG CAA GGA
 20475 20484 20493 20502 20511 20520
 CGC CCT CAA CGG CGT GGA GAT CGT CCC GGC CGC CGT GCT GGC GGT CAC GTT CCT

R P Q R R G D R P G R R A G G H V P
A L N G V E I V P A A V L A V T F L
P S T A W R S S R P P C W R S R S W

P R R R P R L A G R G G P C S S S G
R G A G L A F L A A G E L V H R H G
A A P A S P S S R R A R W S M V I V

CCG CCG GCC GCG GCT CCC GCT TCT CGC GGC GCG GGA GGT CCT GTA CTG CTA CTG
20529 20538 20547 20556 20565 20574
GGC GGC CGG CGC CGA GGG CGA AGA GCG CCG CGC CCT CCA GGA CAT GAC GAT GAC

G G R R R G R R A P R P P G H D D D
A A G A E G E E R R A L Q D M T M T
R P A P R A K S A A P S R T * R * P

G P A S P P D A A S G P R G R P R P
V R H Q R R T L P L D L D D A L A L
W G T S V A P * R C I W T T R S P S

GGT GGG CCA CGA CTG CCG CCC AGT CGC CGT CTA GGT CCA GCA GGC GCT CCC GCT
20583 20592 20601 20610 20619 20628
CCA CCC GGT GCT GAC GGC GGG TCA GCG GCA GAT CCA GGT CGT CCG CGA GGG CGA

P P G A D G G S A A D P G R P R G R
H P V L T A G Q R Q I Q V V R E G E
T R C * R R V S G R S R S S A R A R

P A A P R G S P R P R R R G S G R R
H H P Q G G P R D R V G G V R V G G
T T R S A E R V T A S A A S G F G A

CCA CCA CGC CGA CCG GAG GGC CTG CCA GCG CCT GCG GCG GCT GGG CTT GGG GCG
20637 20646 20655 20664 20673 20682
GGT GGT GCG GCT GGC CTC CCG GAC GGT CGC GGA CGC CGC CGA CCC GAA CCC CGC

G G A A G L P D G R G R R R P E P R
V V R L A S R T V A D A A D P N P A
W C G W P P G R S R T P P T R T P P

A R G H R P G S P R A P G R R D P P
P E D M G L G P R G R R V E G T Q R
Q S T W A S A R V A A G S R A P R A

GAC CGA GCA GGT ACG GCT CCG GGC CTG CCG GCG CGG CCT GGA GCG GCC AGA CCG
20691 20700 20709 20718 20727 20736
CTG GCT CGT CCA TGC CGA GGC CCG GAC GGC CGC GCC GGA CCT CGC CGG TCT GGC

L A R P C R G P D G R A G P R R S G
W L V H A E A R T A A P D L A G L A
G S S M P R P G R P R R T S P V W R

A T A A P G P R A G A R V P R G R G
R P R Q Q V R A L V P E F R G V G A
A R D S S S G P S C R S S G A S G P

CCG CGC CAG CGA CGA CCT GGG CCC GCT CGT GGC CGA GCT TGG CCG GCT GGG GCC

20745				20754				20763				20772				20781				20790			
GGC	GCG	GTC	GCT	GCT	GGA	CCC	GGG	CGA	GCA	CCG	GCT	CGA	ACC	GGC	CGA	CCC	CGG						

G	A	V	A	A	G	P	G	R	A	P	A	R	T	G	R	P	R						
A	R	S	L	L	D	P	G	E	H	R	L	E	P	A	D	P	G						
R	G	R	C	W	T	R	A	S	T	G	S	N	R	P	T	P	A						
P	R	G	A	A	P	R	P	P	R	V	R	S	R	N	R	N	S						
Q	D	G	P	P	Q	G	L	H	A	Y	G	R	G	T	E	I	P						
R	T	E	R	R	S	A	S	T	P	T	G	E	V	P	K	S	Q						

GGA	CCA	GAG	GGC	CGC	CGA	CCG	GCT	CCA	CCC	GCA	TGG	GAG	CTG	GCC	AAA	GCT	AAC						
20799				20808				20817				20826				20835				20844			
CCT	GGT	CTC	CCG	GCG	GCT	GGC	CGA	GGT	GGG	CGT	ACC	CTC	GAC	CGG	TTT	CGA	TTG						

P	G	L	P	A	A	G	R	G	G	R	T	L	D	R	F	R	L						
L	V	S	R	R	L	A	E	V	G	V	P	S	T	G	F	D	W						
W	S	P	G	G	W	P	R	W	A	Y	P	R	P	V	S	I	G						
R	R	A	V	T	R	R	D	R	H	V	A	R	E	P	A	R	A						
A	D	L	S	Q	G	G	T	E	T	Y	Q	V	S	L	H	E	R						
L	T	S	R	S	D	A	P	R	P	T	S	C	A	*	T	S	E						

CTC	GCA	GCT	CGC	TGA	CAG	GCG	GCC	AGA	GCC	ACA	TGA	CGT	GCG	AGT	CCA	CGA	GAG						
20853				20862				20871				20880				20889				20898			
GAG	CGT	CGA	GCG	ACT	GTC	CGC	CGG	TCT	CGG	TGT	ACT	GCA	CGC	TCA	GGT	GCT	CTC						

E	R	R	A	T	V	R	R	S	R	C	T	A	R	S	G	A	L						
S	V	E	R	L	S	A	G	L	G	V	L	H	A	Q	V	L	S						
A	S	S	D	C	P	P	V	S	V	Y	C	T	L	R	C	S	R						
R	R	R	T	R	P	G	A	A	P	R	R	S	T	S	R	A	P						
G	V	G	R	G	P	G	R	Q	Q	V	G	H	H	R	D	R	R						
G	S	A	E	D	Q	A	G	S	S	S	A	T	I	D	I	A	G						

CGG	GCT	GCG	GAG	CAG	GAC	CCG	GGG	CGA	CGA	CCT	GCG	GCA	CTA	CAG	CTA	GCG	CGG						
20907				20916				20925				20934				20943				20952			
GCC	CGA	CGC	CTC	GTC	CTG	GGC	CCC	GCT	GCT	GGA	CGC	CGT	GAT	GTC	GAT	CGC	GCC						

A	R	R	L	V	L	G	P	A	A	G	R	R	D	V	D	R	A						
P	D	A	S	S	W	A	P	L	L	D	A	V	M	S	I	A	P						
P	T	P	R	P	G	P	R	C	W	T	P	*	C	R	S	R	R						
R	R	R	P	G	G	A	A	G	C	P	R	A	R	R	R	S	*						
G	G	E	H	A	E	R	L	E	A	H	D	H	V	D	V	L	D						
A	A	K	T	P	R	G	C	S	R	M	T	T	C	T	S	S	I						

CCG	GCG	GAA	GCA	CCC	GGA	GGG	CGT	CGA	GGC	GTA	CCA	GCA	CGT	GCA	GCT	GCT	CTA						
20961				20970				20979				20988				20997				21006			
GGC	CGC	CTT	CGT	GGG	CCT	CCC	GCA	GCT	CCG	CAT	GGT	CGT	GCA	CGT	CGA	CGA	GAT						

G	R	L	R	G	P	P	A	A	P	H	G	R	A	R	R	R	D						
A	A	F	V	G	L	P	Q	L	R	M	V	V	H	V	D	E	I						
P	P	S	W	A	S	R	S	S	A	W	S	C	T	S	T	R	S						
R	R	R	C	A	V	P	P	P	S	P	R	P	R	A	R	D	G						
G	D	V	A	R	W	R	L	R	R	R	D	L	D	R	E	I	G						

V	T	S	P	V	G	G	S	A	A	V	T	S	T	A	S	S	G
GTG	GCA	GCT	GCC	GTG	CGG	TGG	CCT	CCG	CCG	CTG	CCA	GCT	CCA	GCG	CGA	GCT	AGG
	21015			21024			21033			21042			21051			21060	
CAC	CGT	CGA	CGG	CAC	GCC	ACC	GGA	GGC	GGC	GAC	GGT	CGA	GGT	CGC	GCT	CGA	TCC
H	R	R	R	H	A	T	G	G	G	D	G	R	G	R	A	R	S
T	V	D	G	T	P	P	E	A	A	T	V	E	V	A	L	D	P
P	S	T	A	R	H	R	R	R	R	R	S	R	S	R	S	I	P
R	R	R	C	R	A	R	G	P	*	P	R	P	P	V	G	P	P
A	D	G	V	G	H	V	G	Q	D	R	V	P	L	S	A	R	H
R	T	A	S	V	T	C	A	R	T	V	S	P	S	P	R	G	T
GGC	GCA	GCG	GCT	GTG	GCA	CGT	GCG	GGA	CCA	GTG	CCT	GCC	CCT	CCC	TGC	GGG	CCA
	21069			21078			21087			21096			21105			21114	
CCG	CGT	CGC	CGA	CAC	CGT	GCA	CGC	CCT	GGT	CAC	GGA	CGG	GGA	GGG	ACG	CCC	GGT
P	R	R	R	H	R	A	R	P	G	H	G	R	G	G	T	P	G
R	V	A	D	T	V	H	A	L	V	T	D	G	E	G	R	P	V
A	S	P	T	P	C	T	P	W	S	R	T	G	R	D	A	R	W
S	G	A	R	G	A	S	G	P	P	R	A	A	P	R	A	P	C
R	A	Q	A	A	Q	A	V	R	H	D	L	L	R	G	R	R	V
A	L	R	R	P	R	R	*	G	T	T	S	C	G	A	A	G	S
CCG	CTC	GGA	CGC	GCC	GGA	CGC	GAT	GGG	CCA	CCA	GCT	CGT	CGG	CCG	GCG	CGG	CCT
	21123			21132			21141			21150			21159			21168	
GGC	GAG	CCT	GCG	CGG	CCT	GCG	CTA	CCC	GGT	GGT	CGA	GCA	GCC	GGC	CGC	GCC	GGA
G	E	P	A	R	P	A	L	P	G	G	R	A	A	G	R	A	G
A	S	L	R	G	L	R	Y	P	V	V	E	Q	P	A	A	P	D
R	A	C	A	A	C	A	T	R	W	S	S	S	R	P	R	R	T
R	R	A	P	R	R	R	P	R	P	R	P	T	T	R	P	D	T
G	V	L	R	A	A	V	R	V	R	V	H	H	R	E	R	T	Q
V	S	S	G	P	P	S	A	S	A	S	T	T	D	N	A	P	R
GTG	GCT	GCT	CGG	CCC	GCC	GCT	GCG	CCT	GCG	CCT	GCA	CCA	CAG	CAA	GCG	CCC	AGA
	21177			21186			21195			21204			21213			21222	
CAC	CGA	CGA	GCC	GGG	CGG	CGA	CGC	GGA	CGC	GGA	CGT	GGT	GTC	GTT	CGC	GGG	TCT
H	R	R	A	G	R	R	R	G	R	G	R	G	V	V	R	G	S
T	D	E	P	G	G	D	A	D	A	D	V	V	S	F	A	G	L
P	T	S	R	A	A	T	R	T	R	T	W	C	R	S	R	V	C
A	P	P	A	A	N	G	P	A	R	R	P	A	R	A	S	R	A
R	R	L	L	Q	T	G	P	H	E	V	L	H	A	L	L	D	R
D	G	S	S	S	R	E	R	T	S	S	S	T	R	S	C	I	A
CAG	CGG	CCT	CCT	CGA	CGC	AAG	GGC	CCA	CGA	GCT	GCT	CCA	CGC	GCT	CGT	CTA	GCG
	21231			21240			21249			21258			21267			21276	
GTC	GCC	GGA	GGA	GCT	GCG	TTC	CCG	GGT	GCT	CGA	CGA	GGT	GCG	CGA	GCA	GAT	CGC
V	A	G	G	A	A	F	P	G	A	R	R	G	A	R	A	D	R
S	P	E	E	L	R	S	R	V	L	D	E	V	R	E	Q	I	A
R	R	R	S	C	V	P	G	C	S	T	R	C	A	S	R	S	R

P S A V R G W P G A R E G G A P P A
L L H S E G G R G Q V N A A R Q H L
C S I R S A G V A R C T R R G S T S

CGT CCT CTA CGC TGA GCG GGG GTG CCG GGA CGT GCA AGC GGC GGG CGA CCA CCT
21285 21294 21303 21312 21321 21330
GCA GGA GAT GCG ACT CGC CCC CAC GGC CCT GCA CGT TCG CCG CCC GCT GGT GGA

A G D A T R P H G P A R S P P A G G
Q E M R L A P T A L H V R R P L V E
R R C D S P P R P C T F A A R W W S

P A R S P S S P P P G G G A P S A G
L P E V R H H R H H D A A P Q L L A
C P S S E T I V T T T R R R S S F R

CGT CCC CGA GCT GAG CCA CTA CTG CCA CCA CCA GGC GGC GGC CGA CCT CTT CGC
21339 21348 21357 21366 21375 21384
GCA GGG GCT CGA CTC GGT GAT GAC GGT GGT GGT CCG CCG CCG GCT GGA GAA GCG

A G A R L G D D G G G P P P A G E A
Q G L D S V M T V V V R R R L E K R
R G S T R * * R W W S A A G W R S A

R G P R A P W C R R S A A W W * R C
E A P V H R G V D E P L Q G G D A V
R P R S T G A L M K Q F S G V M L S

GGA GCC GGC CCT GCA CGG CCG GTT GTA GAA GAC CTT CGA CGG GTG GTA GTC GCT
21393 21402 21411 21420 21429 21438
CCT CGG CCG GGA CGT GCC GGC CAA CAT CTT CTG GAA GCT GCC CAC CAT CAG CGA

P R P G R A G Q H L L E A A H H Q R
L G R D V P A N I F W K L P T I S D
S A G T C R P T S S G S C P P S A T

R R D G S R V G * P V G S P P R G H
D D I V Q G F A E R F V R R R V A M
M T S * R V S R R V S C G V A S P W

GTA GCA GCT AGT GGA CTG GCT TGC GGA GTG CCT TGT GGG CTG CCG CCT GCC GGT
21447 21456 21465 21474 21483 21492
CAT CGT CGA TCA CCT GAC CGA ACG CCT CAC GGA ACA CCC GAC GGC GGA CGG CCA

H R R S P D R T P H G T P D G G R P
I V D H L T E R L T E H P T A D G H
S S I T * P N A S R N T R R R T A M

T R F A S V G Y S M D A P S P P T F
R G S R V S E T V * T L L P R R P S
A D Q V C Q S R L E H * C P V A P H

ACG CAG GAC TTG CGT GAC TGA GGC ATT GAG TAC AGT CGT CCC CTG CCG CCC CAC
21501 21510 21519 21528 21537 21546
TGC GTC CTG AAC GCA CTG ACT CCG TAA CTC ATG TCA GCA GGG GAC GGC GGG GTG

C V L N A L T P * L M S A G D G G V
 A S * T H * L R N S C Q Q G T A G *
 R P E R T D S V T H V S R G R R G E

 P G R W G A R F G L S F R F F V G T
 L A A G A P G S V * P F G S F C A L
 F P R A L R G P F R P F V Q F V R W

 TTT CCC GGC GCG GTC GGC CGG GCC TTT GGA TCC CTT TTG GAC TTT TTG TGC GGT
 21555 21564 21573 21582 21591 21600
 AAA GGG CCG CGC CAG CCG GCC CGG AAA CCT AGG GAA AAC CTG AAA AAC ACG CCA

 K G P R Q P A R K P R E N L K N T P
 K G R A S R P G N L G K T * K T R Q
 R A A P A G P E T * G K P E K H A S

 R D N N P P S M R H W R S N G Q F S
 V I T T P R L C E I G D P T G K F R
 Y S R Q Q A S V N S A M Q L E R S V

 CAT GCT AGC AAC AAC CCG CCT CTG TAA GCT ACG GTA GAC CTC AAG GGA ACT TTG
 21609 21618 21627 21636 21645 21654
 GTA CGA TCG TTG TTG GGC GGA GAC ATT CGA TGC CAT CTG GAG TTC CCT TGA AAC

 V R S L L G G D I R C H L E F P * N
 Y D R C W A E T F D A I W S S L E T
 T I V V G R R H S M P S G V P L K R

 R I Q R R Q G C P T P Y S P A * I P
 G S R V A S V A L H P I H L R E Y Q
 V Q D S P A S R L T H S I F A S M N

 CTG GAC TAG ACT GCC GCG ACT GGC GTT CCA CAC CCT ATA CTT CCG CGA GTA TAA
 21663 21672 21681 21690 21699 21708
 GAC CTG ATC TGA CGG CGC TGA CCG CAA GGT GTG GGA TAT GAA GGC GCT CAT ATT

 D L I * R R * P Q G V G Y E G A H I
 T * S D G A D R K V W D M K A L I L
 P D L T A L T A R C G I * R S Y W

 P R P Q S S A A A S * A Y R P W V V
 H A P N A R P Q P R N R M G R G F L
 T P P T P E L S R G I V C V E A L C

 CCA CCC GCC CCA ACC GAG CTC CGA CGC CGG CTA ATG CGT ATG GAG CCG GTT TGT
 21717 21726 21735 21744 21753 21762
 GGT GGG CGG GGT TGG CTC GAG GCT GCG GCC GAT TAC GCA TAC CTC GGC CAA ACA

 G G R G W L E A A A D Y A Y L G Q T
 V G G V G S R L R P I T H T S A K Q
 W A G L A R G C G R L R I P R P N N

 P G P P W Y F Q E R R H V P N W * P
 Q D R H G I S S N E G I Y Q I G D L
 S T G T A L L V T R E * T S S E M L

 TGA CCA GGG CCA CCG GTT ATC TTG ACA AGA GAG GAT ACA TGA CCT AAG GTA GTT

	21771			21780			21789			21798			21807			21816		
ACT	GGT	CCC	GGT	GGC	CAA	TAG	AAC	TGT	TCT	CTC	CTA	TGT	ACT	GGA	TTC	CAT	CAA	
T	G	P	G	G	Q	*	N	C	S	L	L	C	T	G	F	H	Q	
L	V	P	V	A	N	R	T	V	L	S	Y	V	L	D	S	I	K	
W	S	R	W	P	I	E	L	F	S	P	M	Y	W	I	P	S	R	
P	R	F	I	P	P	R	S	Q	R	R	P	S	R	P	P	S	G	
L	G	S	Y	R	L	D	P	N	D	D	P	R	G	R	R	L	D	
S	A	P	I	D	S	T	P	I	T	T	P	A	V	A	A	S	I	
CCT	CCG	GCC	TTA	TAG	CCT	CCA	GCC	CTA	ACA	GCA	GCC	CCG	CTG	GCG	CCG	CCT	CTA	
	21825			21834			21843			21852		21861			21870			
GGA	GGC	CGG	AAT	ATC	GGA	GGT	CGG	GAT	TGT	CGT	CGG	GGC	GAC	CGC	GGC	GGA	GAT	
G	G	R	N	I	G	G	R	D	C	R	R	G	D	R	G	G	D	
E	A	G	I	S	E	V	G	I	V	V	G	A	T	A	A	E	I	
R	P	E	Y	R	R	S	G	L	S	S	G	R	P	R	R	R	S	
P	K	R	P	L	R	R	P	T	R	G	P	R	*	R	C	G	A	
L	S	G	H	S	V	A	R	L	E	A	Q	V	D	G	V	D	L	
W	A	E	T	P	S	P	A	S	N	P	R	S	T	V	*	M	W	
GGT	CCG	AAG	GCA	CCC	TCT	GCC	GCG	CCT	CAA	GCC	GGA	CCT	GCA	GTG	GAT	GTA	GGT	
	21879			21888			21897			21906		21915			21924			
CCA	GGC	TTC	CGT	GGG	AGA	CGG	CGC	GGA	GTT	CGG	CCT	GGA	CGT	CAC	CTA	CAT	CCA	
P	G	F	R	G	R	R	R	G	V	R	P	G	R	H	L	H	P	
Q	A	S	V	G	D	G	A	E	F	G	L	D	V	T	Y	I	Q	
R	L	P	W	E	T	A	R	S	S	A	W	T	S	P	T	S	S	
P	R	G	A	R	A	P	R	R	R	A	R	T	G	H	S	G	R	
L	V	G	R	A	P	Q	G	V	G	H	E	H	G	T	V	E	E	
C	S	A	G	R	P	S	A	S	A	T	S	T	D	R	S	K	R	
CGT	CCT	GCG	GGG	CGC	GCC	CGA	CCG	GCT	GCG	GCA	CGA	GCA	CAG	GGC	ACT	GAA	GGA	
	21933			21942			21951			21960		21969			21978			
GCA	GGA	CGC	CCC	GCG	CGG	GCT	GGC	CGA	CGC	CGT	GCT	CGT	GTC	CCG	TGA	CTT	CCT	
A	G	R	P	A	R	A	G	R	R	R	A	R	V	P	*	L	P	
Q	D	A	P	R	G	L	A	D	A	V	L	V	S	R	D	F	L	
R	T	P	R	A	G	W	P	T	P	C	S	C	P	V	T	S	S	
R	R	R	S	R	*	T	G	P	R	C	S	R	R	P	R	C	R	
A	V	V	V	E	D	H	V	Q	A	V	V	V	D	H	V	A	D	
P	S	S	S	K	T	M	Y	R	P	S	L	*	T	T	S	P	M	
GCC	GCT	GCT	GCT	GAA	GCA	GTA	CAT	GGA	CCC	GCT	GTT	GAT	GCA	GCA	CCT	GCC	GTA	
	21987			21996			22005			22014		22023			22032			
CGG	CGA	CGA	CGA	CTT	CGT	CAT	GTA	CCT	GGG	CGA	CAA	CTA	CGT	CGT	GGA	CGG	CAT	
R	R	R	R	L	R	H	V	P	G	R	Q	L	R	R	G	R	H	
G	D	D	D	F	V	M	Y	L	G	D	N	Y	V	V	D	G	I	
A	T	T	T	S	S	C	T	W	A	T	T	T	S	W	T	A	S	
R	S	R	P	P	S	G	G	R	C	A	R	R	A	P	*	A	R	
D	V	E	H	R	V	E	A	A	V	L	G	G	R	L	D	H	E	

T	S	K	T	A	S	K	R	R	S	L	G	A	A	C	T	M	S
GCA	GCT	GAA	GCA	CCG	CCT	GAA	GGC	GGC	GCT	GTT	CGG	GCG	GCG	CGT	CCA	GTA	CGA
	22041			22050			22059			22068			22077			22086	
CGT	CGA	CTT	CGT	GGC	GGA	CTT	CCG	CCG	CGA	CAA	GCC	CGC	CGC	GCA	GGT	CAT	GCT
R	R	L	R	G	G	L	P	P	R	Q	A	R	R	A	G	H	A
V	D	F	V	A	D	F	R	R	D	K	P	A	A	Q	V	M	L
S	T	S	W	R	T	S	A	A	T	S	P	P	R	R	S	C	S
G	P	R	R	G	A	C	T	R	R	P	R	V	Q	R	S	R	G
G	P	D	G	V	R	A	P	E	A	H	G	F	K	V	L	V	A
A	R	T	A	S	G	R	L	N	P	T	A	S	S	S	S	F	P
GCG	GGC	CCA	GCG	GCT	GGG	CGC	GTC	CAA	GCC	GCA	CCG	GCT	TGA	ACT	GCT	CTT	GCC
	22095			22104			22113			22122			22131			22140	
CGC	CCG	GGT	CGC	CGA	CCC	GCG	CAG	GTT	CGG	CGT	GGC	CGA	ACT	TGA	CGA	GAA	CGG
R	P	G	R	R	P	A	Q	V	R	R	G	R	T	*	R	E	R
A	R	V	A	D	P	R	R	F	G	V	A	E	L	D	E	N	G
P	G	S	P	T	R	A	G	S	A	W	P	N	L	T	R	T	A
P	S	R	P	R	P	S	A	G	P	G	W	S	R	G	P	S	R
P	H	G	R	D	H	L	L	G	L	V	G	P	A	V	Q	R	D
R	T	V	A	T	T	S	F	G	W	S	G	L	L	S	R	A	I
GGC	CCA	CTG	GCG	CCA	GCA	CCT	CTT	CGG	GGT	CCT	GGG	GTC	CTC	GCT	GGA	CCG	CTA
	22149			22158			22167			22176			22185			22194	
CCG	GGT	GAC	CGC	GGT	CGT	GGA	GAA	GCC	CCA	GGA	CCC	CAG	GAG	CGA	CCT	GGC	GAT
P	G	D	R	G	R	G	E	A	P	G	P	Q	E	R	P	G	D
R	V	T	A	V	V	E	K	P	Q	D	P	R	S	D	L	A	I
G	*	P	R	S	W	R	S	P	R	T	P	G	A	T	W	R	S
R	R	T	R	R	*	S	P	R	A	R	P	R	P	R	C	G	A
D	A	H	V	G	E	A	R	G	H	V	L	G	H	G	A	D	P
T	P	T	Y	A	K	L	E	A	T	C	S	A	T	A	P	M	R
GCA	GCC	GCA	CAT	GCG	GAA	GTC	GAG	CCG	GCA	CGT	GCT	CCG	GCA	CCG	GCC	GTA	GGC
	22203			22212			22221			22230			22239			22248	
CGT	CGG	CGT	GTA	CGC	CTT	CAG	CTC	GGC	CGT	GCA	CGA	GGC	CGT	GGC	CGG	CAT	CCG
R	R	R	V	R	L	Q	L	G	R	A	R	G	R	G	R	H	P
V	G	V	Y	A	F	S	S	A	V	H	E	A	V	A	G	I	R
S	A	C	T	P	S	A	R	P	C	T	R	P	W	P	A	S	G
T	R	A	S	R	A	P	S	*	R	R	G	A	T	A	P	R	G
R	G	P	P	V	L	Q	L	D	G	V	G	Q	L	P	Q	G	V
G	D	Q	R	F	S	S	S	I	V	S	A	R	C	H	S	A	S
CGG	CAG	GAC	CGC	CTT	GCT	CGA	CCT	CTA	GTG	GCT	GCG	GGA	CGT	CAC	CGA	CCG	GCT
	22257			22266			22275			22284			22293			22302	
GCC	GTC	CTG	GCG	GAA	CGA	GCT	GGA	GAT	CAC	CGA	CGC	CCT	GCA	GTG	GCT	GGC	CGA
A	V	L	A	E	R	A	G	D	H	R	R	P	A	V	A	G	R
P	S	W	R	N	E	L	E	I	T	D	A	L	Q	W	L	A	D
R	P	G	G	T	S	W	R	S	P	T	P	C	S	G	W	P	T

R A R P R S W P S R G T S S P R R S
V P V L D A G R H D V P V P L V D R
W P C S T P E V T I S R Y Q F S T A

GGT GCC CGT GCT CCA GCC GAG GTG CCA CTA GCT GGC CAT GAC CTT CCT GCA GCG
22311 22320 22329 22338 22347 22356
CCA CGG GCA CGA GGT CGG CTC CAC GGT GAT CGA CCG GTA CTG GAA GGA CGT CGC

P R A R G R L H G D R P V L E G R R
H G H E V G S T V I D R Y W K D V A
T G T R S A P R * S T G T G R T S R

R * R R G P S S G A G A P T G P S G
A D G V D Q L H V P V Q Q L G Q L G
L T V S T R S I F R C R S S D R S V

CTC GCA GTG GCT GCA GGA CCT CTA CTT GGC CGT GGA CGA CCT CAG GGA CCT CTG
22365 22374 22383 22392 22401 22410
GAG CGT CAC CGA CGT CCT GGA GAT GAA CCG GCA CCT GCT GGA GTC CCT GGA GAC

E R H R R P G D E P A P A G V P G D
S V T D V L E M N R H L L E S L E T
A S P T S W R * T G T C W S P W R P

C R R R P P R P W R V P P G L R P P
A D V A L H V L G A F Q H A S D H H
R M S P S T S S A L S S T P R T T T

GGC GTA GCT GCC GCT CCA CCT GCT CCG GTC GCT TGA CCA CCC GGC TCA GCA CCA
22419 22428 22437 22446 22455 22464
CCG CAT CGA CGG CGA GGT GGA CGA GGC CAG CGA ACT GGT GGG CCG AGT CGT GGT

P H R R R G G R G Q R T G G P S R G
R I D G E V D E A S E L V G R V V V
A S T A R W T R P A N W W A E S W W

P P P S S R R S G C R R D R R * R G
L R P R L D G A G A D D T G G D D A
S A P A F I E P E R M T P G A T M P

CCT CCG CCC CCG CTT CTA GAG GCC GAG GGC GTA GCA GCC AGG GCG GCA GTA GCC
22473 22482 22491 22500 22509 22518
GGA GGC GGG GGC GAA GAT CTC CGG CTC CCG CAT CGT CGG TCC CGC CGT CAT CGG

G G G G E D L R L P H R R S R R H R
E A G A K I S G S R I V G P A V I G
R R G R R S P A P A S S V P P S S A

P C P P A P S R G R D R * R W R P C
R V R H H L V G V E T G E G G D L A
G S V T T C S E * R P G K V E M S P

GGG CCT GTG CCA CCA CGT CCT GAG GAT GGA GCC AGG GAA GTG GAG GTA GCT CCC
22527 22536 22545 22554 22563 22572
CCC GGA CAC GGT GGT GCA GGA CTC CTA CCT CGG TCC CTT CAC CTC CAT CGA GGG

P G H G A G L L P R S L H L H R G
 P D T V V Q D S Y L G P F T S I E G
 R T R W C R T P T S V P S P S R A

 S G P R A C R S G T S S R A A H R K
 V A P D R V A L D L V R D H Q T A S
 L Q R T A C L S I W Y E I T S R P A

 GTT GAC GGC CCA GCG CGT GTC GCT CTA GGT CAT GAG CTA GCA CGA CGC ACC GCG
 22581 22590 22599 22608 22617 22626
 CAA CTG CCG GGT CGC GCA CAG CGA GAT CCA GTA CTC GAT CGT GCT GCG TGG CGC

 Q L P G R A Q R D P V L D R A A W R
 N C R V A H S E I Q Y S I V L R G A
 T A G S R T A R S S T R S C C V A L

 S R P L R G H R P S P S R G P S R P
 R D L S D G T D L V R H D A P L G L
 E I S P T A R T S S E T I P R S V S

 AAG CTA GCT CCC TCA GCG GGC ACA GCT CCT GAG CCA CTA GCC GGC CCT CTG GCT
 22635 22644 22653 22662 22671 22680
 TTC GAT CGA GGG AGT CGC CCG TGT CGA GGA CTC GGT GAT CGG CCG GGA GAC CGA

 F D R G S R P C R G L G D R P G D R
 S I E G V A R V E D S V I G R E T E
 R S R E S P V S R T R * S A G R P R

 S R R G G S T S R A G A P A P L G C
 H V G G G P R R G R V P Q H Q S V V
 T F A A G R V D V A C R S T S P S W

 CCA CTT GCG GCG GGG GGC CTG CAG CTG GCG CGT GGC CGA CCA CGA CCC TCT GGT
 22689 22698 22707 22716 22725 22734
 GGT GAA CGC CGC CCC CCG GAC GTC GAC CGC GCA CCG GCT GGT GCT GGG AGA CCA

 G E R R P P D V D R A P A G A G R P
 V N A A P R T S T A H R L V L G D H
 * T P P P G R R P R T G W C W E T T

 G P G P R R N F L G A S A P S A V T
 A P D L D A T S C A Q P P P P R S P
 L R T W T P P Q V P R R L R P V R R

 GTC GGC CCA GGT CCA GCC GCC AAC TTG TCC GGA CGC CTC CGC CCC CTG CGC TGC
 22743 22752 22761 22770 22779 22788
 CAG CCG GGT CCA GGT CGG CGG TTG AAC AGG CCT GCG GAG GCG GGG GAC GCG ACG

 Q P G P G R R L N R P A E A G D A T
 S R V Q V G G * T G L R R R G T R R
 A G S R S A V E Q A C G G G G R D G

 F A A * P F M R S P L A P A S R P R
 S P P K R S C A L R C R P H P V P V
 H L R S V P V H S V A A R T R F P S

 CAC TTC CGC CGA ATG CCC TTG TAC GCT CTG CCG TCG CGC CCA CGC CTT GCC CCT

22797 22806 22815 22824 22833 22842
 GTG AAG GCG GCT TAC GGG AAC ATG CGA GAC GGC AGC GCG GGT GCG GAA CGG GGA

 V K A A Y G N M R D G S A G A E R G E-1
 * R R L T G T C E T A A R V R N G D
 E G G L R E H A R R Q R G C G T G T

 C T R T M P P A P K M P E W Y T R S
 A R G P * R H L P S * R S G T R A R
 P V D Q D D T S R A E D A G L V H A

 GCC GTG CAG GAC CAG TAG CCA CCT CGC CCG AAG TAG CCG AGG GTC ATG CAC GCG
 22851 22860 22869 22878 22887 22896
 CGG CAC GTC CTG GTC ATC GGT GGA GCG GGC TTC ATC GGC TCC CAG TAC GTG CGC

 R H V L V I G G A G F I G S Q Y V R
 G T S W S S V E R A S S A P S T C A
 A R P G H R W S G L H R L P V R A R

 S T R S P S G A R T V T S S L S V *
 V P G P R R D P A P S R A P C A S R
 F Q D P V A I R R P H G H Q V L Q G

 CTT GAC CAG GCC CTG CCG CTA GGC CGC GCC CAC TGG CAC GAC CTG TTC GAC TGG
 22905 22914 22923 22932 22941 22950
 GAA CTG GTC CGG GAC GGC GAT CCG GCG CGG GTG ACC GTG CTG GAC AAG CTG ACC

 E L V R D G D P A R V T V L D K L T
 N W S G T A I R R G * P C W T S * P
 T G P G R R S G A G D R A G Q A D L

 A P F R A F R S G T A P R Y V K T C
 R R S G P S G P A P R R G T C R R A
 V G P V Q R V Q L R D G A P V G E H

 ATG CGG CCC TTG GAC CGC TTG GAC CTC GGC CAG CGG CCG GCC ATG TGG AAG CAC
 22959 22968 22977 22986 22995 23004
 TAC GCC GGG AAC CTG GCG AAC CTG GAG CCG GTC GCC GGC CGG TAC ACC TTC GTG

 Y A G N L A N L E P V A G R Y T F V
 T P G T W R T W S R S P A G T P S C
 R R E P G E P G A G R R P V H L R A

 P S M Q S A L S S A S T T G P W S R
 R R C R R H W A A R R P P G R G R D
 V A V D A I G P Q E G L H D G A V I

 GTG CCG CTG TAG ACG CTA CGG TCC GAC GAG CGG CTC CAC CAG GGG CCG GTG CTA
 23013 23022 23031 23040 23049 23058
 CAC GGC GAC ATC TGC GAT GCC AGG CTG CTC GCC GAG GTG GTC CCC GGC CAC GAT

 H G D I C D A R L L A E V V P G H D
 T A T S A M P G C S P R W S P A T I
 R R H L R C Q A A R R G G P R P R S

 T T L K A A S D C T S R D I A S A A
 P P * S R P R I A R R G T S R R R P

Q	H	D	V	E	R	G	F	R	V	D	V	P	R	D	G	V	R
GAC	CAC	CAG	TTG	AAG	CGC	CGG	CTT	AGC	GTG	CAG	CTG	GCC	AGC	TAG	CGG	CTG	CGC
	23067			23076			23085			23094			23103			23112	
CTG	GTG	GTC	AAC	TTC	GCG	GCC	GAA	TCG	CAC	GTC	GAC	CGG	TCG	ATC	GCC	GAC	GCG
L	V	V	N	F	A	A	E	S	H	V	D	R	S	I	A	D	A
W	W	S	T	S	R	P	N	R	T	S	T	G	R	S	P	T	R
G	G	Q	L	R	G	R	I	A	R	R	P	V	D	R	R	R	G
G	N	M	R	V	L	T	C	P	T	W	A	S	M	C	T	H	R
A	T	*	V	Y	W	H	A	P	R	G	P	V	*	A	P	T	G
R	R	E	Y	T	G	I	H	L	A	D	L	C	E	H	L	H	A
CGC	GGC	AAG	TAT	GCA	TGG	TTA	CAC	GTC	CCG	CAG	GTC	CGT	GAG	TAC	GTC	CAC	ACG
	23121			23130			23139			23148			23157			23166	
GCG	CCG	TTC	ATA	CGT	ACC	AAT	GTG	CAG	GGC	GTC	CAG	GCA	CTC	ATG	CAG	GTG	TGC
A	P	F	I	R	T	N	V	Q	G	V	Q	A	L	M	Q	V	C
R	R	S	Y	V	P	M	C	R	A	S	R	H	S	C	R	C	A
A	V	H	T	Y	Q	C	A	G	R	P	G	T	H	A	G	V	P
S	A	P	V	A	L	I	T	C	T	E	V	S	S	T	Y	P	L
P	P	R	C	P	W	S	R	A	P	R	W	R	R	P	T	R	C
Q	L	G	A	R	G	P	D	H	L	D	G	G	V	L	H	V	A
GAC	CTC	CGG	CCG	TGC	CGG	TCC	TAG	CAC	GTC	CAG	AGG	TGG	CTG	CTC	CAC	ATG	CCG
	23175			23184			23193			23202			23211			23220	
CTG	GAG	GCC	GGC	ACG	GCC	AGG	ATC	GTG	CAG	GTC	TCC	ACC	GAC	GAG	GTG	TAC	GGC
L	E	A	G	T	A	R	I	V	Q	V	S	T	D	E	V	Y	G
W	R	P	A	R	P	G	S	C	R	S	P	P	T	R	C	T	A
G	G	R	H	G	Q	D	R	A	G	L	H	R	R	G	V	R	Q
M	S	V	P	E	Q	S	S	S	A	G	I	A	G	L	E	G	*
C	R	S	P	S	R	P	R	P	R	A	S	R	G	W	S	A	R
A	D	L	R	A	G	P	V	L	V	R	R	D	G	G	V	R	G
TCG	TAG	CTC	TGC	CCG	AGG	ACC	CTG	CTC	CTG	CGC	GGC	TAG	CGG	GGG	TTG	AGC	GGG
	23229			23238			23247			23256			23265			23274	
AGC	ATC	GAG	ACG	GGC	TCC	TGG	GAC	GAG	GAC	GCG	CCG	ATC	GCC	CCC	AAC	TCG	CCC
S	I	E	T	G	S	W	D	E	D	A	P	I	A	P	N	S	P
A	S	R	R	A	P	G	T	R	T	R	R	S	P	P	T	R	P
H	R	D	G	L	L	G	R	G	R	A	D	R	P	Q	L	A	L
A	A	D	L	A	P	P	S	M	T	A	R	A	*	A	R	V	W
R	P	T	W	P	P	R	R	C	P	R	G	R	R	R	G	C	G
V	R	R	G	L	R	A	A	V	H	D	G	E	G	V	G	A	G
ATG	CGC	CGC	AGG	TTC	CGC	CCG	CCG	CTG	TAC	CAG	CGG	GAG	CGG	ATG	CGG	GCG	TGG
	23283			23292			23301			23310			23319			23328	
TAC	GCG	GCG	TCC	AAG	GCG	GGC	GGC	GAC	ATG	GTC	GCC	CTC	GCC	TAC	GCC	CGC	ACC
Y	A	A	S	K	A	G	G	D	M	V	A	L	A	Y	A	R	T
T	R	R	P	R	R	A	A	T	W	S	P	S	P	T	P	A	P
R	G	V	Q	G	G	R	R	H	G	R	P	R	L	R	P	H	P

P S G T L T V R H P L L * P G * * N
 H A A P S R S A T R C C S R A R D T
 M P Q R H A H R P A A V V V P G I L

 GTA CCC GAC GGC CAC TCG CAC TGC GCC ACG CCG TTG TTG ATG CCC GGG ATA GTC
 23337 23346 23355 23364 23373 23382
 CAT GGG CTG CCG GTG AGC GTG ACG CGG TGC GGC AAC AAC TAC GGG CCC TAT CAG

 H G L P V S V T R C G N N Y G P Y Q
 M G C R * A * R G A A T T T G P I S
 W A A G E R D A V R Q Q L R A L S V

 G S F T T G S N V V R S S S P W L M
 G P S P R E A T * W G A A P R G C C
 E R L L D N R Q E G G P Q Q V A V A

 AAG GGC CTC TTC CAG CAA GGC GAC AAG TGG TGG GCC GAC GAC CTG CCG GTG TCG
 23391 23400 23409 23418 23427 23436
 TTC CCG GAG AAG GTC GTT CCG CTG TTC ACC ACC CGG CTG CTG GAC GGC CAC AGC

 F P E K V V P L F T T R L L D G H S
 S R R R S F R C S P P G C W T A T A
 P G E G R S A V H H P A A G R P Q H

 G S Y P S P P L T R S Q T C T D S W
 G A T R P H R C R G P S P A R T R G
 D R Q V P I A A V D P V P H V H G V

 TAG GGC GAC ATG CCC CTA CCG CCG TTG CAG GCC CTG ACC CAC GTG CAC AGG CTG
 23445 23454 23463 23472 23481 23490
 ATC CCG CTG TAC GGG GAT GGC GGC AAC GTC CGG GAC TGG GTG CAC GTG TCC GAC

 I P L Y G D G G N V R D W V H V S D
 S R C T G M A A T S G T G C T C P T
 P A V R G W R Q R P G L G A R V R P

 T R P M R S T A S R P S G P C T * W
 R A P C G A P R R V R A A P A P R G
 V H P A D P Q D G F A P Q R P L D V

 GTG CAC GCC CCG TAG GCC GAC CAG CGG CTT GCG CCC GAC GGC CCC GTC CAG ATG
 23499 23508 23517 23526 23535 23544
 CAC GTG CGG GGC ATC CGG CTG GTC GCC GAA CGC GGG CTG CCG GGG CAG GTC TAC

 H V R G I R L V A E R G L P G Q V Y
 T C G A S G W S P N A G C R G R S T
 R A G H P A G R R T R A A G A G L P

 M A P E A S S V L R S S V C C S S S
 C R P S P R A S W D P V S A V V A P
 V D R A R G L Q G I Q F Q R L L Q Q

 GTG TAG CGC CCG AGC CGG CTC GAC TGG TTA GAC CTT GAC TGC GTT GTT GAC GAC
 23553 23562 23571 23580 23589 23598
 CAC ATC GCG GGC TCG GCC GAG CTG ACC AAT CTG GAA CTG ACG CAA CAA CTG CTG

H I A G S A E L T N L E L T Q Q L L
T S R A R P S * P I W N * R N N C W
H R G L G R A D Q S G T D A T T A G

A R P A P Q S R T S R T G S R F P C
R G P R R S P G P R A H V R G S P V
V G Q A G A P V P D L T Y G V P L S

CTG CGG GAC CCG CGG CCG ACC CTG GCC CAG CTC GCA CAT GGG CTG GCC TTC CCT
23607 23616 23625 23634 23643 23652
GAC GCC CTG GGC GCC GGC TGG GAC CGG GTC GAG CGT GTA CCC GAC CGG AAG GGA

D A L G A G W D R V E R V P D R K G
T P W A P A G T G S S V Y P T G R D
R P G R R L G P G R A C T R P E G T

S R R * E S H S A R R P A S P * A G
R G A S S A T R R G G R R A R S R V
V V P A V R Q A V G A E A R E A V C

GTG CTG GCC GCG ATG AGC GAC ACG CTG CGG GCG GAG CCG CGC GAG CCG ATG CGT
23661 23670 23679 23688 23697 23706
CAC GAC CGG CGC TAC TCG CTG TGC GAC GCC CGC CTC GGC GCG CTC GGC TAC GCA

H D R R Y S L C D A R L G A L G Y A
T T G A T R C A T P A S A R S A T H
R P A L L A V R R P P R R A R L R T

R T D N S C P R A S V T R Q Y A S F
G H T T R A L G R R C R A S T R R S
G T H R E L L A E G V G H A P V G L

GGG GCA CAC AGC AAG CTC GTT CCG GAG CGG CTG TGG CAC GCG ACC ATG CGG CTC
23715 23724 23733 23742 23751 23760
CCC CGT GTG TCG TTC GAG CAA GGC CTC GCC GAC ACC GTG CGC TGG TAC GCC GAG

P R V S F E Q G L A D T V R W Y A E
P V C R S S K A S P T P C A G T P R
P C V V R A R P R R H R A L V R R E

R S Q H S G N F S R A S D S P M A R
G P S T P A T S R A R A T R R C P E
V P V P P L R Q V L A R Q G V A H S

TTG GCC CTG ACC ACC CTC GGC AAC TTG CTC GCG CGC GAC AGG CTG CCG TAC CGA
23769 23778 23787 23796 23805 23814
AAC CGG GAC TGG TGG GAG CCG TTG AAC GAG CGC GCG CTG TCC GAC GGC ATG GCT

N R D W W E P L N E R A L S D G M A
T G T G G S R * T S A R C P T A W L
P G L V G A V E R A R A V R R H G S

A T G V A G M V L P S G A R P S G R
P R A S L V W S * P L A R G R A E G
Q G H R C C G H S P S L G G A P K G

GAC CGG CAC GGC TGT CGT GGG TAC TGA TCC CCT CTC GGG CGG GCG CCC GAA GGG

23823- 23832 23841 23850 23859 23868
 CTG GCC GTG CCG ACA GCA CCC ATG ACT AGG GGA GAG CCC GCC CGC GGG CTT CCC

 L A V P T A P M T R G E P A R G L P
 W P C R Q H P * L G E S P P A G F P
 G R A D S T H D * G R A R P R A S P

 R Q G F E K N R T T K W I K W S I Q
 E S V S N K T E R Q K G S K G P S K
 K A S R I R Q K A N N E L N E L L N

 GAA GCG ACT GGC TTA AGA AAC AAA GCG CAA CAA AAG GTC TAA AAG GTC CTC TAA
 23877 23886 23895 23904 23913 23922
 CTT CGC TGA CCG AAT TCT TTG TTT CGC GTT GTT TTC CAG ATT TTC CAG GAG ATT

 L R * P N S L F R V V F Q I F Q E I
 F A D R I L C F A L F S R F S R R F
 S L T E F F V S R C F P D F P G D L

 H R V T Q H G A S G A E D A R M H R
 I A C Q R T V P P A P K M P E C T A
 S P A S D P S R R L R S * R S A H P

 ACT ACC GCG TGA CAG ACC ACT GGC CGC CTC GGC CGA AGT AGC CGA GCG TAC ACC
 23931 23940 23949 23958 23967 23976
 TGA TGG CGC ACT GTC TGG TGA CCG GCG GAG CCG GCT TCA TCG GCT CGC ATG TGG

 * W R T V W * P A E P A S S A R M W
 D G A L S G D R R S R L H R L A C G
 (M) A H C L V T G G A G F I G S H V A Q

 L S Q E A A P V P Y R D E V V E A A
 S A R S L R P C R T D T R S S R L P
 P P E A * G R A G P I P G R R G * R

 GCC TCC GAG ACG AGT CGG CGC CCG TGG CCC ATA GCC AGG AGC TGC TGG AGT CGC
 23985 23994 24003 24012 24021 24030
 CGG AGG CTC TGC TCA GCC GCG GGC ACC GGG TAT CGG TCC TCG ACG ACC TCA GCG

 R R L C S A A G T G Y R S S T T S A
 G G S A Q P R A P G I G P R R P Q R
 E A L L S R G H R V S V L D D L S G

 A G G L T D G L A R V Q E G P R H G
 P V A S R T G S P A C R N V P D T V
 R C R R A H G R P R A G T * R T P S

 CGC CGT GGC GGC TCG CAC AGG GGC TCC CGC GCG TGG ACA AGT GGC CCA GCC ACT
 24039 24048 24057 24066 24075 24084
 GCG GCA CCG CCG AGC GTG TCC CCG AGG GCG CGC ACC TGT TCA CCG GGT CGG TGA

 A A P P S V S P R A R T C S P G R *
 R H R R A C P R G R A P V H R V G D
 G T A E R V P E G A H L F T G S V T

 I H L Q D V P E E G L L S E V V D E
 S T S S T S L S K A S C R N S W T K

R H P A P R C A R R R A A I R G R R

GGC TAC ACC TCG ACC AGC TGT CCG AGA AGC GGC TCG TCG CTA AGC TGG TGC AGA
24093 24102 24111 24120 24129 24138
CCG ATG TGG AGC TGG TCG ACA GGC TCT TCG CCG AGC AGC GAT TCG ACC ACG TCT

P M W S W S T G S S P S S D S T T S
R C G A G R Q A L R R A A I R P R L
D V E L V D R L F A E Q R F D H V F

V E R R E R R L R D T V R H L A E V
W K A A N A A S A I L * E T F L R L
G S R P T R P P P S * D S P S S G *

AGG TGA AGC GCC GCA AGC GCC GCC TCC GCT AGT CAG TGA GCC ACT TCT CGG AGT
24147 24156 24165 24174 24183 24192
TCC ACT TCG CGG CGT TCG CGG CGG AGG CGA TCA GTC ACT CGG TGA AGA GCC TCA

S T S R R S R R R R S V T R * R A S
P L R G V R G G G D Q S L G E E P Q
H F A A F A A E A I S H S V K S L N

V A G V H H A A H V E D V R R Q S G
* P V L T I P L T F R M L A A S R V
S R C W R S P C R S G * * R P A A F

TGA TGC CGT GGT TGC ACT ACC CGT CGC ACT TGG AGT AGT TGC GCC GCG ACG CTT
24201 24210 24219 24228 24237 24246
ACT ACG GCA CCA ACG TGA TGG GCA GCG TGA ACC TCA TCA ACG CGG CGC TGC GAA

T T A P T * W A A * T S S T R R C E
L R H Q R D G Q R E P H Q R G A A N
Y G T N V M G S V N L I N A A L R T

A D R E E T E R G G D R H V P V A L
P T E N K Q K A D E T A T Y P C P S
R R R T R R N R T R R P T R A R R

GGC CGC AGA GCA AGA AGA CAA AGC GCA GGA GGC AGC GCC ACA TGC CCG TGC CGC
24255 24264 24273 24282 24291 24300
CCG GCG TCT CGT TCT TCT GTT TCG CGT CCT CCG TCG CGG TGT ACG GGC ACG GCG

P A S R S S V S R P P S R C T G T A
R R L V L L F R V L R R G V R A R R
G V S F F C F A S S V A V Y G H G E

G R H P L R R D R Y R G V T V A V R
V G I R S D D I G T G A S L * P L A
S G S A P T T S G P V P R C N R C R

TCT GGG GCT ACG CCC TCA GCA GCT AGG GCC ATG GCC GGC TGT CAA TGC CGT TGC
24309 24318 24327 24336 24345 24354
AGA CCC CGA TGC GGG AGT CGT CGA TCC CGG TAC CGG CCG ACA GTT ACG GCA ACG

R P R C G S R R S R Y R P T V T A T
D P D A G V V D P G T G R Q L R Q R
T P M R E S S I P V P A D S Y G N A

F E R D L A L Q F R R H P G L A Q G
 F S V T S R S S S V V I R V W P R G
 S V * P R A R A P F S S A S G P G A

 GCT TTG AGT GCC AGC TCG CGC TCG ACC TTT GCT GCT ACG CCT GGG TCC CGG ACG
 24363 24372 24381 24390 24399 24408
 CGA AAC TCA CGG TCG AGC GCG AGC TGG AAA CGA CGA TGC GGA CCC AGG GCC TGC

 R N S R S S A S W K R R C G P R A C
 E T H G R A R A G N D D A D P G P A
 K L T V E R E L E T T M R T Q G L P

 E G C E T H V V H V A F P L V H A V
 K V A N R I C L T Y P S H C F M R S
 R * R M G Y A C R T R R I A S C A R

 GGA AGT GGC GTA AGG CAT ACG TGT TGC ACA TGC CGC TTA CCG TCT TGT ACG CGC
 24417 24426 24435 24444 24453 24462
 CCT TCA CCG CAT TCC GTA TGC ACA ACG TGT ACG GCG AAT GGC AGA ACA TGC GCG

 P S P H S V C T T C T A N G R T C A
 L H R I P Y A Q R V R R M A E H A R
 F T A F R M H N V Y G E W Q N M R D

 G I A I R D G N E E V L D Q A T L R
 G * R L A T A M K K L W I R R P S G
 G R D C H P R W K R * G S G A R H A

 TGG GGA TAG CGT TAC GCC AGC GGT AAA AGA AGT TGG TCT AGG ACG CGC CAC TCG
 24471 24480 24489 24498 24507 24516
 ACC CCT ATC GCA ATG CGG TCG CCA TTT TCT TCA ACC AGA TCC TGC GCG GTG AGC

 T P I A M R S P F S S T R S C A V S
 P L S Q C G R H F L Q P D P A R * A
 P Y R N A V A I F F N Q I L R G E P

 D R D V A V A T L H P R E A V D L V
 I E T * P S P P * T R A N L * T L S
 S R P R R R R R D P A P T * S R * P

 GCT AGA GCC AGA TGC CGC TGC CGC CAG TCC ACG CCC GCA AGT CGA TGC AGT TCC
 24525 24534 24543 24552 24561 24570
 CGA TCT CGG TCT ACG GCG ACG GCG GTC AGG TGC GGG CGT TCA GCT ACG TCA AGG

 R S R S T A T A V R C G R S A T S R
 D L G L R R R R S G A G V Q L R Q G
 I S V Y G D G G Q V R A F S Y V K D

 D H V D D H A G G L R L L G P A P G
 M T S T M T R A G S V S F A Q P R A
 C R P R * R A R G R S P S P R P G P

 TGT AGC ACC TGC AGT AGC ACG CGC GGG GGC TCT GCC TCT TCC GGA CCC CGG CCC
 24579 24588 24597 24606 24615 24624
 ACA TCG TGG ACG TCA TCG TGC GCG CCC CCG AGA CGG AGA AGG CCT GGG GCC GGG

T	S	W	T	S	S	C	A	P	P	R	R	R	R	P	G	A	G
H	R	G	R	H	R	A	R	P	R	D	G	E	G	L	G	P	G
I	V	D	V	I	V	R	A	P	E	T	E	K	A	W	G	R	A
E	V	D	A	R	G	A	G	V	G	H	Q	L	Q	G	L	G	H
K	L	T	P	E	D	R	V	L	V	T	S	S	S	A	W	A	T
R	*	R	R	S	T	G	C	W	C	R	A	P	A	P	G	P	R

GGA	AGT	TGC	AGC	CGA	GCA	GGG	CGT	GGT	TGT	GGC	ACG	ACC	TCG	ACC	GGG	TCC	GGC
	24633			24642			24651			24660			24669			24678	
CCT	TCA	ACG	TCG	GCT	CGT	CCC	GCA	CCA	ACA	CCG	TGC	TGG	AGC	TGG	CCC	AGG	CCG

P	S	T	S	A	R	P	A	P	T	P	C	W	S	W	P	R	P
L	Q	R	R	L	V	P	H	Q	H	R	A	G	A	G	P	G	R
F	N	V	G	S	S	R	T	N	T	V	L	E	L	A	Q	A	V
T	R	R	G	T	D	G	A	V	G	D	R	V	Q	G	G	P	V
R	A	A	A	P	T	G	L	W	G	M	A	C	R	G	A	R	S
A	H	P	P	R	H	G	W	G	G	W	R	A	G	A	R	G	P

ACG	CAC	GCC	GCC	GGC	CAC	AGG	GGT	CGG	TGG	GGT	AGC	GCG	TGG	ACG	GGC	GGG	CCC
	24687			24696			24705			24714			24723			24732	
TGC	GTG	CGG	CGG	CCG	GTG	TCC	CCA	GCC	ACC	CCA	TCG	CGC	ACC	TGC	CCG	CCC	GGG

C	V	R	R	P	V	S	P	A	T	P	S	R	T	C	P	P	G
A	C	G	G	R	C	P	Q	P	P	H	R	A	P	A	R	P	G
R	A	A	A	G	V	P	S	H	P	I	A	H	L	P	A	R	D
L	H	H	D	G	V	G	G	G	L	L	G	A	L	D	E	A	V
S	T	I	T	A	*	V	A	V	S	S	A	R	S	T	K	P	S
R	P	S	P	R	R	C	R	W	R	P	P	G	R	P	R	R	R

TGC	TCC	ACT	ACC	AGC	GGA	TGT	GGC	GGT	GGC	TCC	TCC	GGG	CGC	TCC	AGA	AGC	CGC
	24741			24750			24759			24768			24777			24786	
ACG	AGG	TGA	TGG	TCG	CCT	ACA	CCG	CCA	CCG	AGG	AGG	CCC	GCG	AGG	TCT	TCG	GCG

T	R	*	W	S	P	T	P	P	P	R	R	P	A	R	S	S	A
R	G	D	G	R	L	H	R	H	R	G	G	P	R	G	L	R	R
E	V	M	V	A	Y	T	A	T	E	E	A	R	E	V	F	G	D
P	R	V	G	R	Q	R	V	P	E	G	P	G	G	R	P	G	G
Q	A	S	V	G	S	A	S	P	S	A	R	V	A	A	H	A	A
S	P	P	C	G	A	P	P	R	A	R	G	S	R	R	T	P	R

TGA	CCC	GCC	TGT	GGG	GCG	ACC	GCC	TGC	CCG	AGC	GGG	CCT	GGC	GGC	GCA	CCC	GGC
	24795			24804			24813			24822			24831			24840	
ACT	GGG	CGG	ACA	CCC	CGC	TGG	CGG	ACG	GGC	TCG	CCC	GGA	CCG	CCG	CGT	GGG	CCG

T	G	R	T	P	R	W	R	T	G	S	P	G	P	P	R	G	P
L	G	G	H	P	A	G	G	R	A	R	P	D	R	R	V	G	R
W	A	D	T	P	L	A	D	G	L	A	R	T	A	A	W	A	A
G	D	A	G	G	F	Q	A	G	G	E	L	D	L	D	A	S	L
E	T	P	G	A	S	S	R	E	E	K	S	I	S	I	P	P	S
R	R	R	G	R	R	V	A	S	R	R	R	S	R	S	R	R	L

GGA	GGC	AGC	CGG	GGC	GGC	TTG	ACG	CGA	GGA	GGA	AGC	TCT	AGC	TCT	AGC	CGC	CTC

24849	24858	24867	24876	24885	24894
CCT CCG TCG GCC	CCG CCG AAC TGC GCT	CCT CCT TCG AGA	TCG AGA TCG GCG	GAG	
P P S A	P P N C A	P P S R	S R S A	E	
L R R P	R R T A L	L L R D	R D R R	R	
S V G P	A E L R	S S F E	I E I G	G	E
A D R L	P R L T H	G V P Q	A A G V	P	
R T G S	H A C H T	A S R S	L P A S	R	
A R G P	T P A T H	P R G A	S R R R	G	
TCG CGC AGG GCC	TCA CCC GCG TCA CAC	ACC GGC TGG CCG	ACT CGC CGC GGC	TGG	
24903	24912	24921	24930	24939	24948
AGC GCG TCC CGG	AGT GGG CGC AGT GTG	TGG CCG ACC GGC	TGA GCG GCG CCG	ACC	
S A S R	S G R S	V W P T	G * A A	P T	
A R P G	V G A V	C G R P	A E R R	R P	
R V P E	W A Q C	V A D R	L S G A	D R	
S G W G	L G D R	K S A C	R V T S	T L	
H D G A	W A T E	S P L A	G S L P	P L	
T I G L	G L R R	A Q F R	V Q C H	L Y	
CCA CTA GGG GTC	GGG TTC GGC AGA GCG	AAC CTT CGC GTG	GAC TGT CAC CTC	CAT	
24957	24966	24975	24984	24993	25002
GGT GAT CCC CAG	CCC AAG CCG TCT CGC	TTG GAA GCG CAC	CTG ACA GTG GAG	GTA	
G D P Q	P K P S	R L E A	H L T V	E V	
V I P S	P S R L	A W K R	T * Q W	R *	
* S P A	Q A V S	L G S A	P D S G	G K	
C C H V	I K L N	P T P Y	T F E L	R P	
A V T F	S R S I	R R R T	R S S S	G H	
P L L S	R D Q S	E A D P	V H V R	A T	
TCC GTT GTC ACT	TGC TAG AAC TCT	AAG CCG CAG CCC	ATG CAC TTG	AGC TCG	GCA
25011	25020	25029	25038	25047	25056
AGG CAA CAG TGA	ACG ATC TTG AGA	TTC GGC GTC GGG	TAC GTG AAC	TCG AGC	CGT
R Q Q *	T I L R	F G V G	Y V N S	S R	
G N S E	R S * D	S A S G	T * T R	A V	
A T (V) N	D L E I	R R R V	R E L E	P W	
H V V K	H V V P	D P V G	G G G R	A V	
T F S K	T Y L P	T R Y A	V A E V	R S	
P S R S	Q T C R	P G T R	W R R W	A R	
CCC ACT TGC TGA	AAC ACA TGT TGC	CCC AGG CCA TGC	GGT GGC GGA GGT	GCG CGC	
25065	25074	25083	25092	25101	25110
GGG TGA ACG ACT	TTG TGT ACA ACG	GGG TCC GGT ACG	CCA CCG CCT	CCA CGC	GCG
G * T T	L C T T	G S G T	P P P P	R A	
G E R L	C V Q R	G P V R	H R L H	A R	
V N D F	V Y N G	V R Y A	T A S T	R D	
V Q Q A	L R G L	L P G V	R E E R	R E	
* R S L	W G G W	S R A S	A N K A	A N	

S G A S G A A G P A P R R T R R P T

TGA TGG ACG ACT CGG TCG GCG GGG TCC TCG CCC GGC TGC GCA AGA AGC GCC GCA
25119 25128 25137 25146 25155 25164
ACT ACC TGC TGA GCC AGC CGC CCC AGG AGC GGG CCG ACG CGT TCT TCG CGG CGT

T T C * A S R P R S G P T R S S R R
L P A E P A A P G A G R R V L R G V
Y L L S Q P P Q E R A D A F F A A F

R P G L A D Q L E A R Q L A R V G Q
G P A L R T R S S P A S S P A S V R
G P P W A R G P A R R A P P R P C G

AGG GCC CCC GGT TCG CGC AGG ACC TCG AGC CGC GCG ACC TCC CGC GCC TGT GGG
25173 25182 25191 25200 25209 25218
TCC CGG GGG CCA AGC GCG TCC TGG AGC TCG GCG CGC TGG AGG GCG CGG ACA CCC

S R G P S A S W S S A R W R A R T P
P G G Q A R P G A R R A G G R G H P
P G A K R V L E L G A L E G A D T L

R H R S L G A D L D E G Q L A A F L
A I D P C G P T S I R A R S P R S S
P S T P V A R R R S G R G P P G R L

ACC GCT ACA GCC CTG TCG GGC CGC AGC TCT AGG AGC GGG ACC TCC CGG CGC TTC
25227 25236 25245 25254 25263 25272
TGG CGA TGT CGG GAC AGC CCG GCG TCG AGA TCC TCG CCC TGG AGG GCC GCG AAG

W R C R D S P A S R S S P W R A A K
G D V G T A R R R D P R P G G P R R
A M S G Q P G V E I L A L E G R E E

V Q A A G L E D H L H V A D G V H F
F R R R A S N T M S T C P T V L T S
S G A G R R T R * P P A R R * W R P

TCT TGG ACG CGG CGC GGC TCA AGC AGT ACC TCC ACG TGC CGC AGT GGT TGC ACC
25281 25290 25299 25308 25317 25326
AGA ACC TGC GCC GCG CCG AGT TCG TCA TGG AGG TGC ACG GCG TCA CCA ACG TGG

R T C A A P S S S W R C T A S P T W
E P A P R R V R H G G A R R H Q R G
N L R R A E F V M E V H G V T N V E

E P E G V H L R H L E G P E A V E V
S R S A S T S D I S N A P S P W K S
V G A R R R P T S P T R R A R G S R

TTG AGG CCG AGC GGC TGC ACC TCA GCT ACC TCA AGC GGC CCG AGC CGG TGA AGC
25335 25344 25353 25362 25371 25380
AAC TCC GGC TCG CCG ACG TGG AGT CGA TGG AGT TCG CCG GGC TCG GCC ACT TCG

N S G S P T W S R W S S P G S A T S
T P A R R R G V D G V R R A R P L R
L R L A D V E S M E F A G L G H F D

G R E A C P E E V V H L P G P L Q E
 A V S Q A P S R * W T C R G Q S S S
 R W A R R L A G R G R A A A R P A A

 TGC GGT GCG AGA CGC GTC CCG AGG AGA TGG TGC ACG TCG CCG GGA CCC TCG ACG
 25389 25398 25407 25416 25425 25434
 ACG CCA CGC TCT GCG CAG GGC TCC TCT ACC ACG TGC AGC GGC CCT GGG AGC TGC

 T P R S A Q G S S T T C S G P G S C
 R H A L R R A P L P R A A A L G A A
 A T L C A G L L Y H V Q R P W E L L

 G V D A G D G V A E V E G G V V P A
 A S M P E T E S Q R * R E V W * Q P
 R R C R S R R R S G R G R W G S S P

 AGC GGC TGT AGC CGA GGC AGA GGC TGA CGG AGA TGG AGA GGT GGG TGA TGA CCC
 25443 25452 25461 25470 25479 25488
 TCG CCG ACA TCG GCT CCG TCT CCG ACT GCC TCT ACC TCT CCA CCC ACT ACT GGG

 S P T S A P S P T A S T S P P T T G
 R R H R L R L R L P L P L H P L L G
 A D I G S V S D C L Y L S T H Y W G

 A R V S H G V E V T R P G G R G R L
 L E S P I V S R S P V R D V G D A F
 C S P R F S R G R R Y A T W G T R S

 CGT CGA GCC TGC CTT ACT GGC TGG AGC TGC CAT GCG CCA GGT GGG GCA GGC GCT
 25497 25506 25515 25524 25533 25542
 GCA GCT CGG ACG GAA TGA CCG ACC TCG ACG GTA CGC GGT CCA CCC CGT CCG CGA

 A A R T E * P T S T V R G P P R P R
 Q L G R N D R P R R Y A V H P V R E
 S S D G M T D L D G T R S T P S A K

 G G R A G P G R G * R R R A S A P G
 V V G L G L G A A E A D V H A P Q V
 S W G S G W A R P R L T S T R Q S S

 TCT GGT GGG GCT CGG GGT CCG GGC GCC GGA GTC GCA GCT GCA CGC GAC CGA CCT
 25551 25560 25569 25578 25587 25596
 AGA CCA CCC CGA GCC CCA GGC CCG CGG CCT CAG CGT CGA CGT GCG CTG GCT GGA

 R P P R A P G P R P Q R R R A L A G
 D H P E P Q A R G L S V D V R W L D
 T T P S P R P A A S A S T C A G W T

 A T A S A R G P A P P S * R H R P A
 P R R Q H A G Q L L R A E G I D L H
 R G D S I R A R S C A P K V S T S T

 GGC CGG CAG CGA CTA CGC GCG GGA CCT CGT CCG CCC GAA GTG GCT ACA GCT CCA
 25605 25614 25623 25632 25641 25650
 CCG GCC GTC GCT GAT GCG CGC CCT GGA GCA GGC GGG CTT CAC CGA TGT CGA GGT

P A V A D A R P G A G G L H R C R G
R P S L M R A L E Q A G F T D V E V
G R R * C A P W S R R A S P M S R C

A R A P W P L P R R C R R P R G C P
Q V L P G R C L D A V D D R G A A L
S C S R A V A S T Q S M T A A Q R L

CGA CGT GCT CGC CCG GTG CCG TCT CCA GAC GCT GTA GCA GCG CCG GAC GGC GTT
25659 25668 25677 25686 25695 25704

GCT GCA CGA GCG GGC CAC GGC AGA GGT CTG CGA CAT CGT CGC GGC CTG CCG CAA

A A R A G H G R G L R H R R G L P Q
L H E R A T A E V C D I V A A C R K
C T S G P R Q R S A T S S R P A A R

R R A G S T V S G P R P S L L V C G
G A H G A R S A A R V L R F S S A D
A P T G R E H R Q G S S A F P P R M

CCG GCC GCA CGG GGC GAG CAC TGC GAC GGG CCT GCT CCG CTT TCC TCC TGC GTA
25713 25722 25731 25740 25749 25758

GGC CGG CGT GCC CCG CTC GTG ACG CTG CCC GGA CGA GGC GAA AGG AGG ACG CAT

G R R A P L V T L P G R G E R R T H
A G V P R S * R C P D E A K G G R I
P A C P A R D A A R T R R K E D A S

H G R R C Q V P G R R D L P E S P V
M V V A V S S R A A A I S R N R R S
W S W P S V P G P R P S R A T G V P

GGT ACT GGT GCC GCT GTG ACC TGG CCC GGC GCC GCT AGC TCG CCA AGG CTG CCC
25767 25776 25785 25794 25803 25812

CCA TGA CCA CGG CGA CAC TGG ACC GGG CCG CGG CGA TCG AGC GGT TCC GAC GGG

P * P R R H W T G P R R S S G S D G
H D H G D T G P G R G D R A V P T G
(M) T T A T L D R A A A I E R F R R D O

A E R V R A R N E G R V R D G T E L
P K A F A P G T R A G S A I A R R L
R S R S R P G P E R G P R S R G D *

TGC CGA AGC GCT TGC GCC CGG GCC AAG AGC GGG GCC TGC GCT AGC GGG CAG AGT
25821 25830 25839 25848 25857 25866

ACG GCT TCG CGA ACG CGG GCC CGG TTC TCG CCC CGG ACG CGA TCG CCC GTC TCA

T A S R T R A R F S P R T R S P V S
R L R E R G P G S R P G R D R P S Q
G F A N A G P V L A P D A I A R L K

R A G F P E D G A E G V L A Q A G V
A P A S R S M V R K V S S P R R E S
P P R R V A * * G S * R R P G A S R

TCC GCC CGC GGC TTG CCG AGT AGT GGG CGA AGT GGC TGC TCC CGG ACG CGA GGC

25875	25884	25893	25902	25911	25920
AGG CGG GCG CCG AAC GGC TCA TCA CCC GCT TCA CCG ACG AGG GCC TGC GCT CCG					

R R A P N G S S P A S P T R A C A P					
G G R R T A H H P L H R R G P A L R					
A G A E R L I T R F T D E G L R S D					

V V P V E G D L A I L T G D E V A H					
S * Q F K G T S P S S R G T R * R T					
R S S S S G R R P R H A D R G R G R					

TGC TGA TGA CCT TGA AGG GGC AGC TCC CGC TAC TCG CAG GGC AGG AGA TGG CGC					
25929 25938 25947 25956 25965 25974					
ACG ACT ACT GGA ACT TCC CCG TCG AGG GCG ATG AGC GTC CCG TCC TCT ACC GCG					

T T T G T S P S R A M S V P S S T A					
R L L E L P R R G R * A S R P L P R					
D Y W N F P V E G D E R P V L Y R V					

V V Q L L L V P G R F P V Q Q V A L					
C L K S F C S Q A G S R S R S C R S					
A C S P S A P S P G P V P G A A G R					

ACG TGT TGA ACC TCT TCG TCC TGA CCC GGG GCC TTG CCC TGG ACG ACG TGG CGC					
25983 25992 26001 26010 26019 26028					
TGC ACA ACT TGG AGA AGC AGG ACT GGG CCC CGG AAC GGG ACC TGC TGC ACC GCG					

C T T W R S R T G P R N G T C C T A					
A Q L G E A G L G P G T G P A A P R					
H N L E K Q D W A P E R D L L H R E					

F Q R L E G G R E H V A R D H G G G					
S S A C S A A A N T S P G T T G V A					
P V P A A R R R T R P R G P R A W R					

TCC TTG ACC GCG TCG AGC GGC GGC GCA AGC ACC TGC CGG GCC AGC ACG GGT GGC					
26037 26046 26055 26064 26073 26082					
AGG AAC TGG CGC AGC TCG CCG CCG CGT TCG TGG ACG GCC CGG TCG TGC CCA CCG					

R N W R S S P P R S W T A R S C P P					
G T G A A R R R V R G R P G R A H R					
E L A Q L A A A F V D G P V V P T A					

V R E D E L L R V P G R L H W P V T					
* A S T R L S G Y R A A S T G H C R					
R R A R G * P A T G P R P P A M A G					

GGA TGC GCG AGC AGG AGT TCC TCG GCA TGG CCC GGC GCC TCC ACG GTA CCG TGG					
26091 26100 26109 26118 26127 26136					
CCT ACG CGC TCG TCC TCA AGG AGC CGT ACC GGG CCG CGG AGG TGC CAT GGC ACC					

P T R S S S R S R T G P R R C H G T					
L R A R P Q G A V P G R G G A M A P					
Y A L V L K E P Y R A A E V P W H R					

V A D V D A R A R D A I Q A D A Q V					
S R T L T P G R V T Q L R L M Q R S					

H	G	R	*	R	R	G	A	C	P	R	C	D	S	C	R	G	P
CAC	TGG	CGC	AGT	TGC	AGC	CGG	GCG	CGT	GCC	AGA	CGT	TAG	ACT	CGT	AGA	CGG	ACC
26145		26154		26163		26172		26181		26190							
GTG	ACC	GCG	TCA	ACG	TCG	GCC	CGC	GCA	CGG	TCT	GCA	ATC	TGA	GCA	TCT	GCC	TGG
V	T	A	S	T	S	A	R	A	R	S	A	I	*	A	S	A	W
*	P	R	Q	R	R	P	A	H	G	L	Q	S	E	H	L	P	G
D	R	V	N	V	G	P	R	T	V	C	N	L	S	I	C	L	D
V	G	S	R	V	V	S	A	Q	L	R	N	R	S	R	V	Q	E
S	A	P	G	C	L	P	H	R	S	A	T	G	P	D	C	R	S
R	R	R	V	A	C	R	I	G	P	P	P	E	P	I	A	G	A
TGC	TGC	GGC	CTG	GCG	TGT	TGC	CTA	CGG	ACC	TCC	GCC	AAG	GCC	CTA	GCG	TGG	ACG
26199		26208		26217		26226		26235		26244							
ACG	ACG	CCG	GAC	CGC	ACA	ACG	GAT	GCC	TGG	AGG	CGG	TTC	CGG	GAT	CGC	ACC	TGC
T	T	P	D	R	T	T	D	A	W	R	R	F	R	D	R	T	C
R	R	R	T	A	Q	R	M	P	G	G	G	S	G	I	A	P	A
D	A	G	P	H	N	G	C	L	E	A	V	P	G	S	H	L	L
G	V	V	G	L	H	R	L	H	A	R	G	S	G	H	N	R	D
G	S	S	A	S	T	A	F	T	R	A	V	P	G	T	T	G	T
G	R	R	R	R	P	P	S	P	A	R	S	R	V	R	P	E	P
AGG	GGC	TGC	TGC	GGC	TCC	ACC	GCT	TCC	ACG	CGC	GCT	GGC	CTG	GGC	ACC	AAG	GCC
26253		26262		26271		26280		26289		26298							
TCC	CCG	ACG	ACG	CCG	AGG	TGG	CGA	AGG	TGC	GCG	CGA	CCG	GAC	CCG	TGG	TTC	CGG
S	P	T	T	P	R	W	R	R	C	A	R	P	D	P	W	F	R
P	R	R	R	R	G	G	E	G	A	R	D	R	T	R	G	S	G
P	D	D	A	E	V	A	K	V	R	A	T	G	P	V	V	P	V
R	D	A	L	A	V	H	H	H	V	V	D	P	E	D	V	T	R
G	T	L	W	P	S	T	T	T	C	S	T	R	S	T	W	P	E
G	P	*	G	P	R	R	P	P	A	R	R	G	A	R	G	R	N
AGG	GCC	AGT	CGG	TCC	CGC	TGC	ACC	ACC	ACG	TGC	TGC	AGG	CCG	AGC	AGG	TGC	CAA
26307		26316		26325		26334		26343		26352							
TCC	CGG	TCA	GCC	AGG	GCG	ACG	TGG	TGG	TGC	ACG	ACG	TCC	GGC	TCG	TCC	ACG	GTT
S	R	S	A	R	A	T	W	W	C	T	T	S	G	S	S	T	V
P	G	Q	P	G	R	R	G	G	A	R	R	P	A	R	P	R	F
P	V	S	Q	G	D	V	V	V	H	D	V	R	L	V	H	G	S
A	R	V	G	V	A	T	P	P	P	G	D	D	D	L	V	G	V
P	G	F	A	L	P	L	Q	R	R	V	M	T	M	S	Y	A	S
P	G	S	R	W	R	C	N	A	A	S	W	R	*	R	T	R	R
GCC	CGG	GCT	TGC	GGT	TGC	CGT	CAA	CCG	CCG	CCT	GGT	AGC	AGT	AGC	TCA	TGC	GGC
26361		26370		26379		26388		26397		26406							
CGG	GCC	CGA	ACG	CCA	ACG	GCA	GTT	GGC	GGC	GGA	CCA	TCG	TCA	TCG	AGT	ACG	CCG
R	A	R	T	P	T	A	V	G	G	G	P	S	S	S	S	T	P
G	P	E	R	Q	R	Q	L	A	A	D	H	R	H	R	V	R	R
G	P	N	A	N	G	S	W	R	R	T	I	V	I	E	Y	A	D

R G C R R R G S R Q A A S R W A S M
 G A A G G A G Q A S R R R A G P L C
 G P R V A P A R L A A G G L A L C V

 TGG GCC GGC GTG GCG GCC GCG GGA CTC GCG ACG CGG CGG CTC GCG GTC CGT CTG
 26415 26424 26433 26442 26451 26460
 ACC CGG CCG CAC CGC CGG CGC CCT GAG CGC TGC GCC GCC GAG CGC CAG GCA GAC

 T R P H R R R P E R C A A E R Q A D
 P G R T A G A L S A A P P S A R Q T
 P A A P P A P * A L R R R A P G R H

 S R C T L S D K P H P N H E G G R V
 R V A P * P T K R I L I I N V A E F
 D F P L D P L R E S S S * T * R R S

 TAG CTT GCC GTC CAG TCC CTC AGA AAG CCT ACT CCT AAT ACA AGT GGC GGA GCT
 26469 26478 26487 26496 26505 26514
 ATC GAA CGG CAG GTC AGG GAG TCT TTC GGA TGA GGA TTA TGT TCA CCG CCT CGA

 I E R Q V R E S F G * G L C S P P R
 S N G R S G S L S D E D Y V H R L E
 R T A G Q G V F R (M) R I M F T A S N GT.

 P R S M V H A H H G Q G P R Q A G R
 Q A P C * M H M T G R A Q A S R A A
 S P P V N C T C P A G P R P A A R R

 TGA CCC GCC CTG TAA TGT ACA CGT ACC ACG GGG ACC GGA CCC GCG ACG CGC GGC
 26523 26532 26541 26550 26559 26568
 ACT GGG CGG GAC ATT ACA TGT GCA TGG TGC CCC TGG CCT GGG CGC TGC GCG CCG

 T G R D I T C A W C P W P G R C A P
 L G G T L H V H G A P G L G A A R R
 W A G H Y M C M V P L A W A L R A A

 S V L D P H R A R R R L F A P D G R
 P C S I R T A H G G D C S R P T A A
 P V R S G P P T G A T A P V R P R R

 GCC CTG TGC TCT AGG CCC ACC GCA CGG GCG GCA GCG TCC TTG CGC CCC AGC GGC
 26577 26586 26595 26604 26613 26622
 CGG GAC ACG AGA TCC GGG TGG CGT GCC CGC CGT CGC AGG AAC GCG GGG TCG CCG

 R D T R S G W R A R R R R N A G S P
 G T R D P G G V P A V A G T R G R R
 G H E I R V A C P P S Q E R G V A A

 G A Q H R D R H E V R R V H H F A G
 V P R I G T G T S S A G S M I S L A
 S R G S A P G P A R R A P C S P F R

 GCT GGC CGG ACT ACG GCC AGG GCC ACG AGC TGC GCG GCC TGT ACT ACC TTT CGC
 26631 26640 26649 26658 26667 26676
 CGA CCG GCG TGA TGC CGG TCC CGG TGC TCG ACG CGC CGG ACA TGA TGG AAA GCG

R P A * C R S R C S T R R T * W K A
D R P D A G P G A R R A G H D G K R
T G L M P V P V L D A P D M M E S A

P Q R E I H L G H V C R R L G T R P
R S A N * T C A M Y V G G C D P G R
G A P T R H A P W T C V A A T R D A

GGG CCG ACC GCA AGA TAC ACG TCC GGT ACA TGT GTG GCG GCG TCA GGC CAG GCG
26685 26694 26703 26712 26721 26730
CCC GGC TGG CGT TCT ATG TGC AGG CCA TGT ACA CAC CGC CGC AGT CCG GTC CGC

P G W R S M C R P C T H R R S P V R
P A G V L C A G H V H T A A V R S A
R L A F Y V Q A M Y T P P Q S G P R

R Q R Q V R E G P L R H L R E V V E
G S G S C G N V P C G I C D S L S K
A A A A A G T * R A A S A T A * R S

CCG GCG ACG GCG ACG TGG GCA AGT GGC CCG TCG GCT ACG TCA GCG AGT TGC TGA
26739 26748 26757 26766 26775 26784
GGC CGC TGC CGC TGC ACC CGT TCA CCG GGC AGC CGA TGC AGT CGC TCA ACG ACT

G R C R C T R S P G S R C S R S T T
A A A A A P V H R A A D A V A Q R L
P L P L H P F T G Q P M Q S L N D F

V G A V Q A V E P L L R D V R H L A
S A P S R R S K Q F F D I S A T C R
R R R R G A R S R S S T S R R P A A

AGC TGC GGC CGC TGG ACG CGC TGA AGA CCT TCT TCA GCT AGC TGC GCC ACG TCG
26793 26802 26811 26820 26829 26838
TCG ACG CCG GCG ACC TGC GCG ACT TCT GGA AGA AGT CGA TCG ACG CGG TGC AGC

S T P A T C A T S G R S R S T R C S
R R R R P A R L L E E V D R R G A A
D A G D L R D F W K K S I D A V Q R

A I V V R H A E A V V P P G V Q H H
L * S L A T L K P S W Q R G S R T T
C S H C R P S S R R G S A A R G P P

CGT CGA TAC TGT TGC GCC ACT CGA AGC CGC TGG TGA CCG CCG GGC TGG ACC ACC
26847 26856 26865 26874 26883 26892
GCA GCT ATG ACA ACG CGG TGA GCT TCG GCG ACC ACT GGC GGC CCG ACC TGG TGG

A A M T T R * A S A T T G G P T W W
Q L * Q R G E L R R P L A A R P G G
S Y D N A V S F G D H W R P D L V V

V V D H G D L A C Q D G R E P A H R
C S M M A T S P A S T A A S R P T G
A R C * P R R P R V P R R A G P R A

ACG TGC TGT AGT ACC GGC AGC TCC CGC GTG ACC AGC GGC GCG AGG CCC CGC ACG

26901	26910	26919	26928	26937	26946
TGC ACG ACA TCA	TGG CCG TCG AGG	GCG CAC TGG TCG	CCG CGC TCC GGG	GCG TGC	
C T T S W P S R A H W S P R S G A C	A R H H G R R G R T G R R A P G R A	H D I M A V E G A L V A A L R G V P			
A D I H R G P E D A G H L G L R P E	L T * T D G P N M P V T S V S G P S	S R R H T A R T * R C R P S R A P A			
GCT CGC AGA TAC ACA GCG GGC CCA AGT AGC	CGT GGC ACC TCT GGC TCG GCC CCG				
26955	26964	26973	26982	26991	27000
CGA GCG TCT ATG TGT CGC CCG GGT TCA TCG	GCA CCG TGG AGA CCG AGC CGG GGC				
R A S M C R P G S S A P W R P S R G	E R L C V A R V H R H R G D R A G A	S V Y V S P G F I G T V E T E P G L			
V Q D R R V R Q R A E L L V A D L P	S R T E A S G S D H K S F Y P T S H	R G P R P P G A T T S R S T R R R T			
AGC TGG ACC AGA GCC GCC TGG GCG ACA GCA	CGA AGC TCT TCA TGC CGC AGC TCA				
27009	27018	27027	27036	27045	27054
TCG ACC TGG TCT CGG CGG ACC CGC TGT CGT	GCT TCG AGA AGT ACG GCG TCG AGT				
S T W S R R T R C R A S R S T A S S	R P G L G G P A V V L R E V R R R V	D L V S A D P L S C F E K Y G V E W			
A A V P D L V R H V G * R V H R H R	P R S R I W Y A T S G E G S T A T G	P G R G S G T R P P G R V P R P P A			
CCC CGG CGC TGG CCT AGG TCA TGC GCC ACC	TGG GGA GTG GCC TGC ACC GCC ACG				
27063	27072	27081	27090	27099	27108
GGG GCC GCG ACC GGA TCC AGT ACG CGG TGG	ACC CCT CAC CGG ACG TGG CGG TGC				
G A A T G S S T R W T P H R T W R C	G P R P D P V R G G P L T G R G G A	G R D R I Q Y A V D P S P D V A V P			
R Q A V R Q P Q G H A V H G V V A G	G S P S A S R S G M R * T G * L P A	A A P R R A A A W A S R A R C R R			
GCG GCG ACC CGC TGC GCG ACG CCG ACG GGT	ACG CGA TGC ACG GGA TGT TGC CGC				
27117	27126	27135	27144	27153	27162
CGC CGC TGG GCG ACG CGC TGC GGC TGC CCA	TGC GCT ACG TGC CCT ACA ACG GCG				
R R W A T R C G C P C A T C P T T A	A A G R R A A A H A L R A L Q R R	P L G D A L R L P M R Y V P Y N G A			
L A R V R P L Q P R D P A S A H A D	W P A S G H C S P G I R P L R T H M				

G P R P G T A A P A S G P C V R T C

GGG TCC CGC GCC TGG GCA CCG TCG ACC CCG GCT AGG CCC CGT CTG CGC ACA CGT
27171 27180 27189 27198 27207 27216
CCC AGG GCG CGG ACC CGT GGC AGC TGG GGC CGA TCC GGG GCA GAC GCG TGT GCA

P R A R T R G S W G R S G A D A C A
P G R G P V A A G A D P G Q T R V H
Q G A D P W Q L G P I R G R R V C I

D P A V R G R A D E A G V Y R R Q P
T Q P L E A E P M K P A S T G A S R
R R P C S P R P C R R R R R V P A A

AGC AGA CCC CGT TGA GCC GGA GCC CGT AGA AGC CGC GGC TGC ATG GCC GCG ACG
27225 27234 27243 27252 27261 27270
TCG TCT GGG GCA ACT CGG CCT CGG GCA TCT TCG GCG CCG ACG TAC CGG CGC TGC

S S G A T R P R A S S A P T Y R R C
R L G Q L G L G H L R R R R T G A A
V W G N S A S G I F G A D V P A L R

V G D V R R H P L A R L H H E R R R
C A M S A A T R C P A S T T S V A G
A R W R R P P A A P R P P P A * P A

CCG TGC GGT AGC TGC GCC GCC ACG CCG TCC CGC GCC TCC ACC ACG AGT GCC GCG
27279 27288 27297 27306 27315 27324
GGC ACG CCA TCG ACG CGG CGG TGC GGC AGG GCG CGG AGG TGG TGC TCA CGG CGC

G T P S T R R C G R A R R W C S R R
A R H R R G G A A G R G G G A H G A
H A I D A A V R Q G A E V V L T A P

L F L H L L Q S R Q R G A D P H Q A
C S C T S S S P A S G A P T R T S R
A P V P P P A P L A A P R R G P A A

GCG TCC TTG TCC ACC TCC TCG ACC CTC GCG ACG GCC GGC CGC AGG CCC ACG ACG
27333 27342 27351 27360 27369 27378
CGC AGG AAC AGG TGG AGG AGC TGG GAG CGC TGC CGG CCG GCG TCC GGG TGC TGC

R R N R W R S W E R C R P A S G C C
A G T G G G A G S A A G R R P G A A
Q E Q V E E L G A L P A G V R V L R

V A R Q L E D E R V A V Q Q H V V A
L Q G S S S M R G Y Q S R S T C W P
C S G A P A * G G T S R G A P A G R

CGT TGA CGG GCG ACC TCG AGT AGG AGG GCA TGA CGC TGG ACG ACC ACG TGG TGC
27387 27396 27405 27414 27423 27432
GCA ACT GCC CGC TGG AGC TCA TCC TCC CGT ACT GCG ACC TGC TGG TGC ACC ACG

A T A R W S S S S R T A T C W C T T
Q L P A G A H P P V L R P A G A P R
N C P L E L I L P Y C D L L V H H G

A G V A V H V A D H R P N R L Q G E
 L A L Q * M F P M T A P I G C S D R
 C R W S S C S R C R P P S E A A T G

 CGT CGC GGT TGA CGA TGT ACT TGC CGT AGC ACC GCC CCT AAG GCG TCG ACA GGG
 27441 27450 27459 27468 27477 27486
 GCA GCG CCA ACT GCT ACA TGA ACG GCA TCG TGG CGG GGA TTC CGC AGC TGT CCC

 A A P T A T * T A S W R G F R S C P
 Q R Q L L H E R H R G G D S A A V P
 S A N C Y M N G I V A G I P Q L S L

 G E V V V R Q D A A A T D I G G A G
 A R L * S V S I Q P R R I S G A P A
 R G * S R C A S R R G G Y R D R R R

 AGC GGG AGT TGA TGC TGT GCG ACT AGA CGC CGG CGG CAT AGC TAG GGC GGC CGC
 27495 27504 27513 27522 27531 27540
 TCG CCC TCA ACT ACG ACA CGC TGA TCT GCG GCC GCC GTA TCG ATC CCG CCG GCG

 S P S T T T R * S A A A V S I P P A
 R P Q L R H A D L R P P Y R S R R R
 A L N Y D T L I C G R R I D P A G A

 G Q G Q G A K L G R G L L D L L R Q
 V R V R D P R S A V A S F T S S A S
 W G S G T R G Q P W P R S P R P P A

 GGT GGG ACT GGG ACA GGC CGG AAC TCC GGT GCC GGC TCT TCC AGC TCC TCC GCG
 27549 27558 27567 27576 27585 27594
 CCA CCC TGA CCC TGT CCG GCC TTG AGG CCA CGG CCG AGA AGG TCG AGG AGG CGC

 P P * P C P A L R P R P R R S R R R
 H P D P V R P * G H G R E G R G G A
 T L T L S G L E A T A E K V E E A L

 A P H Q E V V A V A P R R L F Q P V
 R R T S N S W R * R R A A S F S R S
 A G P A T R G G S G G P P P S V A P

 ACG CGG CCC ACG ACA AGC TGG TGG CGA TGG CGG CCC GCC GCC TCT TTG ACG CCC
 27603 27612 27621 27630 27639 27648
 TGC GCC GGG TGC TGT TCG ACC ACC GCT ACC GCC GGG CGG CGG AGA AAC TGC GGG

 C A G C C S T T A T A G R R R N C G
 A P G A V R P P L P P G G G E T A G
 R R V L F D H R Y R R A A E K L R D

 A D L P C R R G G R D G P Q Q G A E
 P T S R A G E G A A T A P S S V R R
 R R R A P V K A R R P R R A A S G G

 TGC CGC AGC TCG CCC GTG GAA GCG GGC GGC GCC AGC GGC CCG ACG ACT GGG CGG
 27657 27666 27675 27684 27693 27702
 ACG GCG TGG AGC GGG CAC CTT CGC CCG CCG CGG TCG CCG GGC TGC TGA CCC GCC

T A S S G H L R P P R S P G C * P A
 R R R A G T F A R R G R R A A D P P
 G V E R A P S P A A V A G L L T R L

 H R V A P Q R R L V D G L D H V V G
 T A S P P S D A F S T A S T T S L A
 R P P R R A T P S P R R R P R P C R

 AGC ACC GCC TGC CGC CCG ACA GCC GCT TCC TGC AGC GGC TCC AGC ACC TGT TGC
 27711 27720 27729 27738 27747 27756
 TCG TGG CGG ACG GCG GGC TGT CGG CGA AGG ACG TCG CCG AGG TCG TGG ACA ACG

 S W R T A G C R R R T S P R S W T T
 R G G R R A V G E G R R R G R G Q R
 V A D G G L S A K D V A E V V D N A

 G L S P P A R S L R A S S P V A P R
 V S A R L L A H C D P Q L L S L P G
 W R P E S S R T V I P S F F P C R A

 GGT GGC TCC GAG CCT CCT CGC GCA CTG TTA GCC CGA CTT CTT CCC TGT CGC CCG
 27765 27774 27783 27792 27801 27810
 CCA CCG AGG CTC GGA GGA GCG CGT GAC AAT CGG GCT GAA GAA GGG ACA GCG GGC

 P P R L G G A R D N R A E E G T A G
 H R G S E E R V T I G L K K G Q R A
 T E A R R S A * Q S G * R R D S G P E.

 R * R P H R S * R S G G T R V A * R
 D D G P T G A E D A G V Q A F P E D
 T T V P P A P K M P E W R H S R S M

 GCA GCA GTG GCC CCC ACG GCC GAA GTA GCC GAG GGT GGA CAC GCT TGC CGA GTA
 27819 27828 27837 27846 27855 27864
 CGT CGT CAC CGG GGG TGC CGG CTT CAT CGG CTC CCA CCT GTG CGA ACG GCT CAT

 R R H R G C R L H R L P P V R T A H
 V V T G G A G F I G S H L C E R L I
 S S P G V P A S S A P T C A N G S S

 A P D T P S R R P C G T W R C S R S
 L P T Q R H G A H V V Q G G A P D R
 S R P R D T V Q T S L R D V P L I A

 GCT CGC CCC AGA CAG CCA CTG GAC GCA CCT GTT GGA CAG GTG GCC GTC CTA GCG
 27873 27882 27891 27900 27909 27918
 CGA GCG GGG TCT GTC GGT GAC CTG CGT GGA CAA CCT GTC CAC CGG CAG GAT CGC

 R A G S V G D L R G Q P V H R Q D R
 E R G L S V T C V D N L S T G R I A
 S G V C R * P A W T T C P P A G S R

 G R R A R R R P A T * A A A P R R S
 V E V R E G V L L P E R Q Q P G V H
 F R S A S A S S S R N V S S R A S T

 CTT GGA GCT GCG CGA GCG GCT GCT CCT CGC CAA GTG CGA CGA CGC CCG GCT GCA

27927				27936				27945				27954				27963				27972			
GAA	CCT	CGA	CGC	GCT	CGC	CGA	CGA	GGA	GCG	GTT	CAC	GCT	GCT	GCG	GGC	CGA	CGT						
E	P	R	R	A	R	R	R	G	A	V	H	A	A	A	G	R	R						
N	L	D	A	L	A	D	E	E	R	F	T	L	L	R	A	D	V						
T	S	T	R	S	P	T	R	S	G	S	R	C	C	G	P	T	*						
R	A	T	R	R	R	P	A	P	G	G	R	R	G	G	P	T	A						
G	L	R	E	G	D	L	P	R	D	V	V	D	D	V	Q	R	R						
V	S	G	N	E	T	S	P	G	T	W	W	T	T	W	R	A	D						
CTG	GCT	CGG	CAA	GAG	GCA	GCT	CCC	CGG	CCA	GGT	GGT	GCA	GCA	GGT	GGG	CCG	CAG						
27981				27990				27999				28008				28017				28026			
GAC	CGA	GCC	GTT	CTC	CGT	CGA	GGG	GCC	GGT	CCA	CCA	CGT	CGT	CCA	CCT	GGC	GTC						
D	R	A	V	L	R	R	G	A	G	P	P	R	R	P	P	G	V						
T	E	P	F	S	V	E	G	P	V	H	H	V	V	H	L	A	S						
P	S	R	S	P	S	R	G	R	S	T	T	S	S	T	W	R	R						
P	R	G	G	P	S	D	P	A	A	A	P	S	A	A	P	R	S						
R	G	G	G	Q	V	I	Q	R	Q	R	Q	L	R	Q	P	D	A						
G	A	E	G	R	S	*	R	A	S	G	S	S	V	S	R	T	P						
CGG	CCG	GAG	GGG	GGA	CCT	GAT	AGA	CCG	CGA	CGG	CGA	CCT	CTG	CGA	CGC	CCA	GCC						
28035				28044				28053				28062				28071				28080			
GCC	GGC	CTC	CCC	CCT	GGA	CTA	TCT	GGC	GCT	GCC	GCT	GGA	GAC	GCT	GCG	GGT	CGG						
A	G	L	P	P	G	L	S	G	A	A	A	G	D	A	A	G	R						
P	A	S	P	L	D	Y	L	A	L	P	L	E	T	L	R	V	G						
R	P	P	P	W	T	I	W	R	C	R	W	R	R	C	G	S	A						
P	R	S	R	S	R	A	A	A	P	P	P	A	R	R	G	S	R						
R	G	P	G	L	V	R	Q	P	Q	R	H	R	V	A	G	A	E						
E	A	P	V	S	F	A	S	R	S	A	T	A	C	P	A	R	K						
GAG	CCG	GCC	CTG	GCT	CTT	GCG	CGA	CGC	CGA	CCG	CCA	CCG	CGT	GCC	GCG	GGC	GAA						
28089				28098				28107				28116				28125				28134			
CTC	GGC	CGG	GAC	CGA	GAA	CGC	GCT	GCG	GCT	GGC	GGT	GGC	GCA	CGG	CGC	CCG	CTT						
L	G	R	D	R	E	R	A	A	A	G	G	G	A	R	R	P	L						
S	A	G	T	E	N	A	L	R	L	A	V	A	H	G	A	R	F						
R	P	G	P	R	T	R	C	G	W	R	W	R	T	A	P	A	S						
P	R	R	W	R	P	S	R	R	P	D	R	R	A	G	A	T	R						
H	D	G	G	G	R	L	D	V	P	I	G	G	L	V	R	L	G						
T	T	A	E	V	E	S	I	*	P	S	G	A	S	C	G	C	D						
GCA	CCA	GCG	GAG	GTG	GAG	CCT	CTA	GAT	GCC	CCT	AGG	GCG	GCT	CGT	GGG	CGT	CAG						
28143				28152				28161				28170				28179				28188			
CGT	GGT	CGC	CTC	CAC	CTC	GGA	GAT	CTA	CGG	GGA	TCC	CGC	CGA	GCA	CCC	GCA	GTC						
R	G	R	L	H	L	G	D	L	R	G	S	R	R	A	P	A	V						
V	V	A	S	T	S	E	I	Y	G	D	P	A	E	H	P	Q	S						
W	S	P	P	P	R	R	S	T	G	I	P	P	S	T	R	S	P						
S	S	S	P	C	R	*	G	S	R	G	A	N	P	T	R	R	P						
L	A	V	P	A	V	D	V	R	D	A	R	T	R	H	V	V	L						

S	L	*	Q	P	L	T	L	G	I	P	G	R	E	T	Y	S	S
GCT	CTC	GAT	GAC	CCC	GTT	GCA	GTT	GGG	CTA	GCC	GGG	CGC	AAG	CCA	CAT	GCT	GCT
	28197				28206			28215			28224			28233			28242
CGA	GAG	CTA	CTG	GGG	CAA	CGT	CAA	CCC	GAT	CGG	CCC	GCG	TTC	GGT	GTA	CGA	CGA
R	E	L	L	G	Q	R	Q	P	D	R	P	A	F	G	V	R	R
E	S	Y	W	G	N	V	N	P	I	G	P	R	S	V	Y	D	E
R	A	T	G	A	T	S	T	R	S	A	R	V	R	C	T	T	R
W	V	T	*	R	P	A	S	R	R	R	R	A	C	A	P	R	P
G	F	P	E	G	L	R	Q	G	G	G	V	R	A	R	Q	A	R
A	L	R	N	V	S	A	S	V	A	A	*	A	R	V	S	P	A
CCG	GTT	TGC	CAA	GTG	GCT	CCG	CGA	CTG	GCG	GCG	GAT	GCG	CGC	GTG	CGA	CCC	GCG
	28251				28260			28269			28278			28287			28296
GGC	CAA	ACG	GTT	CAC	CGA	GGC	GCT	GAC	CGC	CGC	CTA	CGC	GCG	CAC	GCT	GGG	CGC
G	Q	T	V	H	R	G	A	D	R	R	L	R	A	H	A	G	R
A	K	R	F	T	E	A	L	T	A	A	Y	A	R	T	L	G	A
P	N	G	S	P	R	R	*	P	P	P	T	R	A	R	W	A	R
C	R	C	Q	G	G	T	*	S	R	R	V	A	S	A	G	R	R
V	G	A	N	G	A	Q	E	V	G	V	S	R	P	H	A	A	V
S	V	P	M	A	R	R	N	L	E	*	P	G	R	I	R	R	S
CCT	GTG	GCC	GTA	ACG	GGC	GGA	CAA	GTT	GAG	GAT	GCC	TGG	CGC	CTA	CGC	GGC	GCT
	28305				28314			28323			28332			28341			28350
GGA	CAC	CGG	CAT	TGC	CCG	CCT	GTT	CAA	CTC	CTA	CGG	ACC	GCG	GAT	GCG	CCG	CGA
G	H	R	H	C	P	P	V	Q	L	L	R	T	A	D	A	P	R
D	T	G	I	A	R	L	F	N	S	Y	G	P	R	M	R	R	D
T	P	A	L	P	A	C	S	T	P	T	D	R	G	C	A	A	T
R	A	P	P	A	S	R	*	R	G	P	A	R	R	V	A	A	*
V	P	P	H	H	R	G	E	D	V	L	R	E	G	S	Q	R	E
S	P	R	T	T	G	V	K	M	S	W	A	S	A	P	S	G	S
GCT	GCC	CGC	CCA	CCA	CGG	CTG	GAA	GTA	GCT	GGT	CCG	CGA	GCG	GCC	TGA	CGG	CGA
	28359				28368			28377			28386			28395			28404
CGA	CGG	GCG	GGT	GGT	GCC	GAC	CTT	CAT	CGA	CCA	GGC	GCT	CGC	CGG	ACT	GCC	GCT
R	R	A	G	G	A	D	L	H	R	P	G	A	R	R	T	A	A
D	G	R	V	V	P	T	F	I	D	Q	A	L	A	G	L	P	L
T	G	G	W	C	R	P	S	S	T	R	R	S	P	D	C	R	S
W	*	R	C	R	R	G	S	G	T	A	T	S	R	R	P	C	P
G	D	V	A	A	A	G	L	G	P	R	Q	A	V	D	L	V	R
V	M	L	P	L	P	A	W	V	R	D	S	H	*	T	S	S	V
GTG	GTA	GTT	GCC	GTC	GCC	GCG	GGT	CTG	GGC	CAG	CGA	CAC	GAT	GCA	GCT	CCT	GTG
	28413				28422			28431			28440			28449			28458
CAC	CAT	CAA	CGG	CAG	CGG	CGC	CCA	GAC	CCG	GTC	GCT	GTG	CTA	CGT	CGA	GGA	CAC
H	H	Q	R	Q	R	R	P	D	P	V	A	V	L	R	R	G	H
T	I	N	G	S	G	A	Q	T	R	S	L	C	Y	V	E	D	T
P	S	T	A	A	A	P	R	P	G	R	C	A	T	S	R	T	R

A P V S P G S P S T R G P G P * C R
 H P S Q H G Q H V R G E R A R D V D
 T R P S I A R I S E D K G P G T L M

 CCA CGC CCC TGA CTA CCG GGA CTA CCT GAG CAG GAA GGG CCC GGG CCA GTT GTA
 28467 28476 28485 28494 28503 28512
 GGT GCG GGG ACT GAT GGC CCT GAT GGA CTC GTC CTT CCC GGG CCC GGT CAA CAT

 G A G T D G P D G L V L P G P G Q H
 V R G L M A L M D S S F P G P V N I
 C G D * W P * W T R P S R A R S T S

 R S R H S S R G D S R P P S R R V R
 A R G T L H G D T L D R L R D G C E
 P A V P S I V T R * I A S A I A A S

 GCC GCG CTG GCC ACT CTA CTG GCA GGC AGT CTA GCG CCT CCG CTA GCG GCG TGA
 28521 28530 28539 28548 28557 28566
 CGG CGC GAC CGG TGA GAT GAC CGT CCG TCA GAT CGC GGA GGC GAT CGC CGC ACT

 R R D R * D D R P S D R G G D R R T
 G A T G E M T V R Q I A E A I A A L
 A R P V R * P S V R S R R R S P H S

 P L P A A S R T G R A P P P R A R G
 R S H L Q P G L E A R R R L V L G A
 A P T S S R V S N R A G A S S S G P

 GCG CCC TCA CCT CGA CGC CTG GCT CAA GGC GCG CGG CCG CCT CCT GCT CGG GCC
 28575 28584 28593 28602 28611 28620
 CGC GGG AGT GGA GCT GCG GAC CGA GTT CCG CGC GCC GGC GGA GGA CGA GCC CGG

 R G S G A A D R V P R A G G G R A R
 A G V E L R T E F R A P A E D E P G
 R E W S C G P S S A R R R R T S P A

 A S G R C R S R W S S A P S S A R P
 P A A G V D L G G P R L Q A P L G L
 R R Q G S M S V A L V F S P Q F G S

 GGC CGC GAC GGG GCT GTA GCT CTG GCG GTC CTG CTT CGA CCC GAC CTT CGG GCT
 28629 28638 28647 28656 28665 28674
 CCG GCG CTG CCC CGA CAT CGA GAC CGC CAG GAC GAA GCT GGG CTG GAA GCC CGA

 P A L P R H R D R Q D E A G L E A R
 R R C P D I E T A R T K L G W K P E
 G A A P T S R P P G R S W A G S P R

 A A R R L A * A C G A R T P S C R G
 H R E G F P E L A G Q E P P L A G V
 T G S A S P S L R V R S Q H S L V *

 CCA CGG CGA GCG GCT TCC CGA GTT CGC GTG GGA CGA GAC CAC CCT CTC GTG GAT
 28683 28692 28701 28710 28719 28728
 GGT GCC GCT CGC CGA AGG GCT CAA GCG CAC CCT GCT CTG GTG GGA GAG CAC CTA

G A A R R R A Q A H P A L V G E H L
V P L A E G L K R T L L W W E S T Y
C R S P K G S S A P C S G G R A P T

A P C P G R R R S R N S R C * S H L
R P V H G V V A H V T R A V D P T S
G R S M A W S P T F P E L S M L L P

GGG CGC CCT GTA CCG GGT GCT GCC GCA CTT GCC AAG CTC GCT GTA GTC CTC ACC
28737 28746 28755 28764 28773 28782

CCC GCG GGA CAT GGC CCA CGA CGG CGT GAA CGG TTC GAG CGA CAT CAG GAG TGG

P A G H G P R R R E R F E R H Q E W
P R D M A H D G V N G S S D I R S G
R G T W P T T A * T V R A T S G V E

P M V L W V G A P L P T R I G R L T
R C S L G S V P R C P P A S A G S R
A A H C A L C R G A L P H P H G P A

TCG CCG TAC TGT TCG GTC TGT GGC CGG CCG TTC CCC CAC GCC TAC GGG GCC TCG
28791 28800 28809 28818 28827 28836

AGC GGC ATG ACA AGC CAG ACA CCG GCC GGC AAG GGG GTG CGG ATG CCC CGG AGC

S G (M) T S Q T P A G K G V R M P R S
A A * Q A R H R P A R G C G C P G A
R H D K P D T G R Q G G A D A P E R

S S S L T T Q S H S S G S P M C T R
R P V * R P R P T P R G R P C A P A
D L F E V H D P L P V V G L A H L H

CAG CTC CTT GAG TTG CAC CAG ACC CTC ACC CTG CTG GGG CTC CCG TAC GTC CAC
28845 28854 28863 28872 28881 28890

GTC GAG GAA CTC AAC GTG GTC TGG GAG TGG GAC GAC CCC GAG GGC ATG CAG GTG

V E E L N V V W E W D D P E G M Q V
S R N S T W S G S G T T P R A C R C
R G T Q R G L G V G R P R G H A G A

S A P * * G R S S Y R R S R A S R I
A R P S D A G H R T D A R G H R A S
P E R A I L G T V L I Q A V T G L P

GCC GAG CGC CCG ATA GTC GGG GCA CTG CTC ATA GAC GCG CTG GCA CGG CTC GCC
28899 28908 28917 28926 28935 28944

CGG CTC GCG GGC TAT CAG CCC CGT GAC GAG TAT CTG CGC GAC CGT GCC GAG CGG

R L A G Y Q P R D E Y L R D R A E R
G S R A I S P V T S I C A T V P S G
A R G L S A P * R V S A R P C R A D

S W N A A A S D R V G S V S R N S I
R G T P R P A T G S G P C R D T R S
D V L Q G R R Q G Q G R V G I Q E L

TAG CTG GTC AAC CGG CGC CGC GAC AGG GAC TGG GGC CTG TGG CTA GAC AAG CTC

28953 28962 28971 28980 28989 28998
 ATC GAC CAG TTG GCC GCG GCG CTG TCC CTG ACC CCG GAC ACC GAT CTG TTC GAG

 I D Q L A A A L S L T P D T D L F E
 S T S W P R R C P * P R T P I C S R
 R P V G R G A V P D P G H R S V R D

 P L P S P T M A R S S A G R T P L R
 R C R R P R * P G R A P A G P R C G
 D A A A L A D H G A L Q R G P D A A

 TAG CCG TCG CCG CTC CCG CAG TAC CGG GCG CTC GAC CGC GGG GCC CAG CCG TCG
 29007 29016 29025 29034 29043 29052
 ATC GGC AGC GGC GAG GGC GTC ATG GCC CGC GAG CTG GCG CCC CGG GTC GGC AGC

 I G S G E G V M A R E L A P R V G S
 S A A A R A S W P A S W R P G S A A
 R Q R R G R H G P R A G A P G R Q P

 S H A S T L R D N R S F V R A V Q A
 A T R P R * G T T G P S S G R W R H
 Q Q A R V D A Q R E Q L L G A G G T

 GAC GAC ACG CGC CTG CAG TCG GAC AGC AAG GAC CTC TTC TGG GCG CGG TGG ACA
 29061 29070 29079 29088 29097 29106
 CTG CTG TGC GCG GAC GTC AGC CTG TCG TTC CTG GAG AAG ACC CGC GCC ACC TGT

 L L C A D V S L S F L E K T R A T C
 C C A R T S A C R S W R R P A P P V
 A V R G R Q P V V P G E D P R H L C

 P R G L T V * W W M R F S * R A P S
 P A A W R * R G G C G S R S G P R V
 R P P G V D G V V V D P V V V Q G S

 CGC CCC GCC GGG TTG CAG TGG ATG GTG GTG TAG GCC TTG CTG ATG GAC CGG CCT
 29115 29124 29133 29142 29151 29160
 GCG GGG CGG CCC AAC GTC ACC TAC CAC CAC ATC CGG AAC GAC TAC CTG GCC GGA

 A G R P N V T Y H H I R N D Y L A G
 R G G P T S P T T S G T T T W P D
 G A A Q R H L P P H P E R L P G R T

 G S A E K S A P N A S L T K M W R F
 E P R R R R R R I R A * R R * G G S
 K R V G G E V G S E R E V D E D V Q

 GAA GGC CTG CGG AGG AAG CTG CGG CCT AAG CGC GAG TTG CAG AAG TAG GTG GAC
 29169 29178 29187 29196 29205 29214
 CTT CCG GAC GCC TCC TTC GAC GCC GGA TTC GCG CTC AAC GTC TTC ATC CAC CTG

 L P D A S F D A G F A L N V F I H L
 F R T P P S T P D S R S T S S T *
 S G R L L R R R I R A Q R L H P P E

 A K S T * R * R R S I R R T S R G P
 R R R P R G R G A R S G A P A A A R

V	G	E	L	D	V	E	V	Q	A	L	D	E	P	H	Q	P	G
TTG	CGG	AAG	CTC	CAG	ATG	GAG	ATG	GAC	GCG	CTC	TAG	GCC	GCC	CAC	GAC	GCC	GGG
	29223				29232			29241			29250			29259			29268
AAC	GCC	TTC	GAG	GTC	TAC	CTC	TAC	CTG	CGC	GAG	ATC	CGG	CGG	GTG	CTG	CGG	CCC
N	A	F	E	V	Y	L	Y	L	R	E	I	R	R	V	L	R	P
T	P	S	R	S	T	S	T	C	A	R	S	G	G	C	C	G	P
R	L	R	G	L	P	L	P	A	R	D	P	A	G	A	A	A	R
P	R	N	R	K	L	*	R	S	K	P	S	T	V	L	G	C	N
R	G	T	G	R	*	S	G	P	S	R	R	P	*	W	A	A	T
A	A	P	E	E	E	V	V	Q	V	E	A	L	D	G	P	R	L
CCG	CCG	GCC	AAG	GAG	AAG	TTG	ATG	GAC	CTG	AAG	CCG	CTC	CAG	TGG	TCC	GGC	GTC
	29277				29286			29295			29304			29313			29322
GGC	GGC	CGG	TTC	CTC	TTC	AAC	TAC	CTG	GAC	TTC	GGC	GAG	GTC	ACC	AGG	CCG	CAG
G	G	R	F	L	F	N	Y	L	D	F	G	E	V	T	R	P	Q
A	A	G	S	S	S	T	T	W	T	S	A	R	S	P	G	R	S
R	P	V	P	L	Q	L	P	G	L	R	R	G	H	Q	A	A	V
W	S	Y	T	L	L	*	G	P	A	C	G	T	A	T	L	P	N
G	R	T	R	*	S	S	G	R	P	A	G	P	R	R	*	P	I
E	V	L	V	D	L	A	V	G	P	R	V	R	D	G	D	L	S
AAG	GTG	CTC	ATG	CAG	TTC	TCG	ATG	GGG	CCC	CGC	GTG	GGC	CAG	CGG	CAG	TTC	CCT
	29331				29340			29349			29358			29367			29376
TTC	CAC	GAG	TAC	GTC	AAG	AGC	TAC	CCC	GGG	GCG	CAC	CCG	GTC	GCC	GTC	AAG	GGA
F	H	E	Y	V	K	S	Y	P	G	A	H	P	V	A	V	K	G
S	T	S	T	S	R	A	T	P	G	R	T	R	S	P	S	R	D
P	R	V	R	Q	E	L	P	R	G	A	P	G	R	R	Q	G	I
M	D	Q	S	P	V	S	T	T	R	L	S	A	A	S	A	P	S
*	T	R	A	R	C	R	R	P	G	C	A	R	P	P	P	R	A
E	H	G	P	E	A	G	V	H	D	A	L	E	R	R	L	G	P
AAG	TAC	AGG	ACC	GAG	CCG	TGG	CTG	CAC	CAG	GCG	TTC	GAG	CGC	CGC	CTC	CGG	CCC
	29385				29394			29403			29412			29421			29430
TTC	ATG	TCC	TGG	CTC	GGC	ACC	GAC	GTG	GTC	CGC	AAG	CTC	GCG	GCG	GAG	GCC	GGG
F	M	S	W	L	G	T	D	V	V	R	K	L	A	A	E	A	G
S	C	P	G	S	A	P	T	W	S	A	S	S	R	R	R	P	G
H	V	L	A	R	H	R	R	G	P	Q	A	R	G	G	G	R	A
V	G	T	G	P	D	C	S	S	W	P	P	T	Q	K	R	V	R
S	V	P	V	R	T	A	R	R	G	P	R	R	R	S	G	*	G
Q	C	R	Y	G	P	R	V	V	V	L	A	A	D	A	E	E	G
GAC	TGT	GGC	CAT	GGG	CCC	AGC	GTG	CTG	CTG	GTC	CCG	CCG	CAG	ACG	AAG	GAG	TGG
	29439				29448			29457			29466			29475			29484
CTG	ACA	CCG	GTA	CCC	GGG	TCG	CAC	GAC	GAC	CAG	GGC	GGC	GTC	TGC	TTC	CTC	ACC
L	T	P	V	P	G	S	H	D	D	Q	G	G	V	C	F	L	T
*	H	R	Y	P	G	R	T	T	T	R	A	A	S	A	S	S	P
D	T	G	T	R	V	A	R	R	P	G	R	R	L	L	P	H	P

R L S C S A A H P V A R Q S P L A G
 A C P V P P Q T L Y R V S P R C P G
 Q A P F L L S R S T G C A P V A L G

 GAC GCG TCC CTT GTC CTC CGA CGC ACT CCA TGG CGT GCG ACC CTG CCG TTC CGG
 29493 29502 29511 29520 29529 29538
 CTG CGC AGG GAA CAG GAG GCT GCG TGA GGT ACC GCA CGC TGG GAC GGC AAG GCC

 L R R E Q E A A * G T A R W D G K A
 C A G N R R L R E V P H A G T A R P
 A Q G T G G C (V) R Y R T L G R Q G P Z.

 L D G G D A Q A G P R Q A P E P A A
 S T E E T Q R P V Q A S L P N Q P L
 R P R R R R G P C R P A S R T R P C

 GGC TCC AGA GGA GGC AGA CGG ACC CGT GGA CCC GCG ACT CGC CCA AGA CCC CGT
 29547 29556 29565 29574 29583 29592
 CCG AGG TCT CCT CCG TCT GCC TGG GCA CCT GGG CGC TGA GCG GGT TCT GGG GCA

 P R S P P S A W A P G R * A G S G A
 R G L L R L P G H L G A E R V L G Q
 E V S S V C L G T W A L S G F W G S

 P G L R G D L R D P A R E V Q A D V
 R V S G A T S A T R R A N S R P T L
 G S R A P R R P P G A R T R G P R *

 CGG CCT GGC TCG GCC GGC AGC TCC GCC AGG CCG CGC GCA AGC TGG ACC CGC AGT
 29601 29610 29619 29628 29637 29646
 GCC GGA CCG AGC CGG CCG TCG AGG CGG TCC GGC GCG CGT TCG ACC TGG GCG TCA

 A G P S R P S R R S G A R S T W A S
 P D R A G R R G G P A R V R P G R Q
 R T E P A V E A V R R A F D L G V N

 E E V G R V G V A R A H G L R S Q G
 K K S V A C A * P A P M A S A P S A
 S R R C R A R R R R P C P R P P V P

 TGA AGA AGC TGT GGC GCG TGC GGA TGC CGC GCC CGT ACC GGC TCC GCC CTG ACC
 29655 29664 29673 29682 29691 29700
 ACT TCT TCG ACA CCG CGC ACG CCT ACG GCG CGG GCA TGG CCG AGG CGG GAC TGG

 T S S T P R T P T A R A W P R R D W
 L L R H R A R L R R G H G R G G T G
 F F D T A H A Y G A G M A E A G L A

 A A Q A V Q Q A G T A G V D D D R R
 R P R P S R S R V R R E S M T M E V
 G R G P R G A A C G D S R C R * R S

 GGG CGC CGG ACC CGC TGG ACG ACG CGT GGG CAG CGA GGC TGT AGC AGT AGA GCT
 29709 29718 29727 29736 29745 29754
 CCC GCG GCG TGG GCG ACC TGC TGC GCA CCC GTC GCT CCG ACA TCG TCA TCT CGA

P A A W A T C C A P V A P T S S S R
 P R P G R P A A H P S L R H R H L D
 R G L G D L L R T R R S D I V I S T

 L A A Q L Q P A V T H D A V A V G T
 F P P R S S R P S P T T R L L S A P
 S P R G P A A P R R H P G C C R R R

 GCT TCC CGC CGG ACC TCG ACG CCC CGC TGC CAC ACC AGG CGT TGT CGC TGC GGC
 29763 29772 29781 29790 29799 29808
 CGA AGG GCG GCC TGG AGC TGC GGG GCG ACG GTG TGG TCC GCA ACA GCG ACG CCG

 R R A A W S C G A T V W S A T A T P
 E G R P G A A G R R C G P Q Q R R R
 K G G L E L R G D G V V R N S D A G

 E Q A G V Q G V A Q A R Q P G V V H
 K R R A L R V S L R R E S P V S * T
 N G A R W G S R C G A S A P S R S R

 CAA AGG ACG CGC GGT TGG ACT GGC TGT CGG ACG CGA GCG ACC CCT GGC TGA TGC
 29817 29826 29835 29844 29853 29862
 GTT TCC TGC GCG CCA ACC TGA CCG ACA GCC TGC GCT CGC TGG GGA CCG ACT ACG

 V S C A P T * P T A C A R W G P T T
 F P A R Q P D R Q P A L A G D R L R
 F L R A N L T D S L R S L G T D Y V

 V H E Q D V P G V R P D R R G L R R
 S T N R T W Q G S G L T G G A S V A
 P R T G P G S A R G S P G A P R S P

 ACC TGC ACA AGG ACC AGG TGA CCG GGC TGG GCT CCC AGG GCG GCC GGC TCT GCC
 29871 29880 29889 29898 29907 29916
 TGG ACG TGT TCC TGG TCC ACT GGC CCG ACC CGA GGG TCC CGC CGG CCG AGA CGG

 W T C S W S T G P T R G S R R P R R
 G R V P G P L A R P E G P A G R D G
 D V F L V H W P D P R V P P A E T A

 T R Q R P E H L F P E G P V H A D G
 P A S A P N T S S P S A R Y T P T E
 P H A P P T R P P L A R G T R P R R

 GCC CAC GCG ACC GCC CCA AGC ACC TCC TTC CCG AGC GGG CCA TGC ACC CGC AGA
 29925 29934 29943 29952 29961 29970
 CGG GTG CGC TGG CGG GGT TCG TGG AGG AAG GGC TCG CCC GGT ACG TGG GCG TCT

 R V R W R G S W R K G S P G T W A S
 G C A G G V R G G R A R P V R G R L
 G A L A G F V E E G L A R Y V G V S

 V E G D L F H G F E G G D D G R L D
 L K V T S S I A S N E E T T V G C T
 W S * R R P F P R I R R R * G A P

 GGT TGA AGT GGC AGC TCC TTT ACC GGC TTA AGA GGA GGC AGC AGT GGG GCG TCC

29979			29988			29997			30006			30015			30024		
CCA	ACT	TCA	CCG	TCG	AGG	AAA	TGG	CCG	AAT	TCT	CCT	CCG	TCG	TCA	CCC	CGC	AGG
P	T	S	P	S	R	K	W	P	N	S	P	P	S	S	P	R	R
Q	L	H	R	R	G	N	G	R	I	L	L	R	R	H	P	A	G
N	F	T	V	E	E	M	A	E	F	S	S	V	V	T	P	Q	V
G	L	H	R	E	V	H	E	V	A	A	D	L	L	L	H	Q	R
A	W	T	G	N	L	M	S	S	R	P	M	S	F	C	T	S	G
R	G	P	A	T	*	C	A	R	G	R	C	R	S	A	P	A	A
AGC	GGG	TCC	ACG	GCA	AGT	TGT	ACG	AGC	TGG	CGC	CGT	AGC	TCT	TCG	TCC	ACG	ACG
30033						30042											
TCG	CCC	AGG	TGC	CGT	TCA	ACA	TGC	TCG	ACC	GCG	GCA	TCG	AGA	AGC	AGG	TGC	TGC
S	P	R	C	R	S	T	C	S	T	A	A	S	R	S	R	C	C
R	P	G	A	V	Q	H	A	R	P	R	H	R	E	A	G	A	A
A	Q	V	P	F	N	M	L	D	R	G	I	E	K	Q	V	L	P
V	A	G	S	G	P	D	A	D	H	P	P	R	R	E	R	V	P
C	Q	A	A	A	P	I	P	T	M	P	H	D	A	S	A	C	P
A	S	R	R	Q	R	S	R	R	*	P	T	T	P	A	R	A	R
GCG	TGA	CGC	GGC	GAC	GGC	CCT	AGC	CGC	AGT	ACC	CCA	CCA	GCC	GCG	AGC	GCG	TGC
30087						30096											
CGC	ACT	GCG	CCG	CTG	CCG	GGA	TCG	GCG	TCA	TGG	GGT	GGT	CGG	CGC	TCG	CGC	ACG
R	T	A	P	L	P	G	S	A	S	W	G	G	R	R	S	R	T
A	L	R	R	C	R	D	R	R	H	G	V	V	G	A	R	A	R
H	C	A	A	A	G	I	G	V	M	G	W	S	A	L	A	H	G
H	Q	R	S	R	E	T	G	A	L	H	E	R	G	V	V	P	A
T	S	A	P	A	S	R	G	P	W	T	N	G	G	S	S	Q	R
P	A	P	P	L	A	G	D	R	G	P	T	G	A	R	R	S	A
CCC	ACG	ACC	GCC	CTC	GCG	AGG	CAG	GGC	CGG	TCC	ACA	AGG	GCG	GGC	TGC	TGA	CCG
30141						30150											
GGG	TGC	TGG	CGG	GAG	CGC	TCC	GTC	CCG	GCC	AGG	TGT	TCC	CGC	CCG	ACG	ACT	GGC
G	C	W	R	E	R	S	V	P	A	R	C	S	R	P	T	T	G
G	A	G	G	S	A	P	S	R	P	G	V	P	A	R	R	L	A
V	L	A	G	A	L	R	P	G	Q	V	F	P	P	D	D	W	R
G	V	G	R	G	E	L	A	F	A	E	G	L	Q	E	R	G	H
A	*	E	G	V	K	W	P	S	R	K	A	L	S	S	A	A	T
R	R	S	G	S	R	G	P	R	V	S	R	W	A	A	R	P	R
CGC	GGA	TGA	GGG	GCT	GGA	AGG	TCC	CGC	TTG	CGA	AGC	GGT	TCG	ACG	AGC	GCC	GGC
30195						30204											
GCG	CCT	ACT	CCC	CGA	CCT	TCC	AGG	GCG	AAC	GCT	TCG	CCA	AGC	TGC	TCG	CGG	CCG
A	P	T	P	R	P	S	R	A	N	A	S	P	S	C	S	R	P
R	L	L	P	D	L	P	G	R	T	L	R	Q	A	A	R	G	R
A	Y	S	P	T	F	Q	G	E	R	F	A	K	L	L	A	A	V
V	P	Q	L	L	E	G	G	F	A	P	V	T	D	G	L	E	R
S	R	S	F	S	N	A	A	S	R	P	C	L	T	A	W	S	A

P G A S P T R R R V R A C H R G A R

 ACC TGG CCG ACT TCC TCA AGC GGC GGC TTG CGC CCG TGT CAC AGC GGG TCG AGC
 30249 30258 30267 30276 30285 30294
 TGG ACC GGC TGA AGG AGT TCG CCG CCG AAC GCG GGC ACA GTG TCG CCC AGC TCG

 W T G * R S S P P N A G T V S P S S
 G P A E G V R R R T R A Q C R P A R
 D R L K E F A A E R G H S V A Q L A

 K G P H Q G V G R S D D R D D A G L
 S A Q T S A W G E P T M G T M P A W
 A Q R P A P G G R P L * G P * R R G

 GCG AAC GGA CCC ACG ACC GGG TGG GGA GCC CTC AGT AGG GCC AGT AGC CGC GGG
 30303 30312 30321 30330 30339 30348
 CGC TTG CCT GGG TGC TGG CCC ACC CCT CGG GAG TCA TCC CGG TCA TCG GCG CCC

 R L P G C W P T P R E S S R S S A P
 A C L G A G P P L G S H P G H R R P
 L A W V L A H P S G V I P V I G A Q

 K G L V Q L V A D P G H V E V E V L
 S G S C R S S L T R A T S R S R S S
 A E R A G P P C R G P R P G R G R R

 TCG AAG GGC TCG TGG ACC TCC TGT CGC AGG CCC GGC ACC TGG AGC TGG AGC TGC
 30357 30366 30375 30384 30393 30402
 AGC TTC CCG AGC ACC TGG AGG ACA GCG TCC GGG CCG TGG ACC TCG ACC TCG ACG

 S F P S T W R T A S G P W T S T S T
 A S R A P G G Q R P G R G P R P R R
 L P E H L E D S V R A V D L D L D E

 G L Q A G Q V F Q Q G V R G L Q V A
 A S S R A R S S S S A S A G S S S P
 P R A A R G P R V A P R R A R A P R

 TCC GGC TCG ACG CGC GGG ACC TGC TTG ACG ACC GGC TGC GCG GGC TCG ACC TGC
 30411 30420 30429 30438 30447 30456
 AGG CCG AGC TGC GCG CCC TGG ACG AAC TGC TGG CCG ACG CGC CCG AGC TGG ACG

 R P S C A P W T N C W P T R P S W T
 G R A A R P G R T A G R R A R A G R
 A E L R A L D E L L A D A P E L D G

 A P V L R G R A F L P R D S T A V S
 L P S W G G A R S S L D T Q P P W P
 C R P G V A R A R L S T P R L H G R

 CGT CGC CCC TGG TTG GCG GGC GCG CGC TTC TCT CCA GCC AGA CTC CAC CGG TGC
 30465 30474 30483 30492 30501 30510
 GCA GCG GGG ACC AAC CGC CCG CGC GCG AAG AGA GGT CGG TCT GAG GTG GCC ACG

 A A G T N R P R A K R G R S E V A T
 Q R G P T A R A R R E V G L R W P R
 S G D Q P P A R E E R S V * G G H G

I G T G W S L S Q Y S W N V T S I M
 S A R G G A * R S T R G T S R R S *
 L H G D G L E V V P V V L Q G D L D

 CTC TAC GGG CAG GGG GTC GAG TTG CTG ACC ATG CTG GTC AAC TGG CAG CTC TAG
 30519 30528 30537 30546 30555 30564
 GAG ATG CCC GTC CCC CAG CTC AAC GAC TGG TAC GAC CAG TTG ACC GTC GAG ATC

 E (M) P V P Q L N D W Y D Q L T V E I
 R C P S P S S T T G T T S * P S R S
 D A R P P A Q R L V R P V D R R D H

 S R T Q A G S E P Q R S M P A P P P
 R V P R R G R S R S G P C R H R R R
 D F P D A G G V G A A Q V D T G A A

 TAG CTT GCC CAG ACG CGG GGG CTG AGG CCG ACG GAC CTG TAG CCA CGG CCG CCG
 30573 30582 30591 30600 30609 30618
 ATC GAA CGG GTC TGC GCC CCC GAC TCC GGC TGC CTG GAC ATC GGT GCC GGC GGC

 I E R V C A P D S G C L D I G A G G
 S N G S A P P T P A A W T S V P A A
 R T G L R P R L R L P G H R C R R R

 S I R V C M R R A A G R P R C K A T
 R S G * A C A G P R G A P G A S R P
 A L D E R V H A P G G R P A P V E R

 CCG CTC TAG GAG TGC GTG TAC GCG GCC CGG CGG GGC GCC CCG GCC GTG AAG CGC
 30627 30636 30645 30654 30663 30672
 GGC GAG ATC CTC ACG CAC ATG CGC CGG GCC GCC CCG CGG GGC CGG CAC TTC GCG

 G E I L T H M R R A A P R G R H F A
 A R S S R T C A G P P R G A G T S R
 R D P H A H A P G R P A G P A L R G

 S G S G C Y A S C S R R S K G S T V
 R A A A A T R R V A A G R S G R P *
 D L R Q R L V G F L Q A A V E G L D

 CAG CTC GGC GAC GGC GTC ATG CGG CTT GTC GAC GCG GCG CTG AAG GGG CTC CAG
 30681 30690 30699 30708 30717 30726
 GTC GAG CCG CTG CCG CAG TAC GCC GAA CAG CTG CGC CGC GAC TTC CCC GAG GTC

 V E P L P Q Y A E Q L R R D F P E V
 S S R C R S T P N S C A A T S P R S
 R A A A A V R R T A A P R L P R G H

 T H C A A A A A V G P R S L K T W T
 P I A P R R P R W G Q G P C S R G R
 R Y P L G G R G G G R A P V A E D V

 TGC CAT ACC GTC CGG CGG CGC CGG CGG TGG GGA CCG GCC CTG TCG AAG CAG GTG
 30735 30744 30753 30762 30771 30780
 ACG GTA TGG CAG GCC GCC GCG GCC GCC ACC CCT GGC CGG GAC AGC TTC GTC CAC

66

T V W Q A A A A A T P G R D S F V H
R Y G R P P R P P P L A G T A S S T
G M A G R R G R H P W P G Q L R P R

T E L G P * L P R R R R G Y S R A S
P R W G R S C R G A G G D T R G R R
H D G V G A V A A Q A A T R V V A G

CAC CAG AGG TTG GGG CCG ATG TCG CCG GAC GCG GCG GCA GGC ATG CTG GCG CGG
30789 30798 30807 30816 30825 30834

GTG GTC TCC AAC CCC GGC TAC AGC GGC CTG CGC CGC CGT CCG TAC GAC CGC GCC

V V S N P G Y S G L R R R P Y D R A
W S P T P A T A A C A A V R T T A P
G L Q P R L Q R P A P P S V R P R R

S V R S S I A T S V T R R S S T T G
R S G P L S R P P C R V D P R R R G
V L G Q F L D R H V G Y T Q V V D D

CTG CTC TGG GAC CTT CTC TAG CGC CAC CTG TGG CAT GCA GAC CTG CTG CAG CAG
30843 30852 30861 30870 30879 30888

GAC GAG ACC CTG GAA GAG ATC GCG GTG GAC ACC GTA CGT CTG GAC GAC GTC GTC

D E T L E E I A V D T V R L D D V V
T R P W K R S R W T P Y V W T T S S
R D P G R D R G G H R T S G R R R P

S S A R T S R T L T S T S P P S T P
R P R G R P G P * P P R P P R R P P
G L V G A H V Q D L H V H L A A L H

GGG CTC CTG CGG GCG CAC CTG GAC CAG TTC CAC CTG CAC CTC CCG CCG CTC CAC
30897 30906 30915 30924 30933 30942

CCC GAG GAC GCC CGC GTG GAC CTG GTC AAG GTG GAC GTG GAG GGC GGC GAG GTG

P E D A R V D L V K V D V E G G E V
P R T P A W T W S R W T W R A A R W
R G R P R G P G Q G G R G G R R G G

A R R P A A S S S R R C D G T T T K
R G A R P P R A A A G A T G R P P R
A G Q A P R G L Q Q A P L G G H H D

CCG CGG GAC GCG CCC CGC CGG CTC GAC GAC GCG GCC GTC AGG GGG CAC CAC CAG
30951 30960 30969 30978 30987 30996

GGC GCC CTG CGC GGG GCG GCC GAG CTG CTG CGC CGG CAG TCC CCC GTG GTG GTC

G A L R G A A E L L R R Q S P V V V
A P C A G R P S C C A G S P P W W S
R P A R G G R A A A P A V P R G G L

S C P P S W A I R S * P V V L S S R
R V R R R G R S A R S R C W W R R G
E F V A A V V R H A V V A G G A V V

AAG CTT GTG CCG CCG CTG GTG CGC TAC GCG CTG ATG CCG TGG TGG TCG CTG CTG

31005 31014 31023 31032 31041 31050
 TTC GAA CAC GGC GGC GAC CAC GCG ATG CGC GAC TAC GGC ACC ACC AGC GAC GAC

 F E H G G D H A M R D Y G T T S D D
 S N T A A T T R C A T T A P P A T T
 R T R R R P R D A R L R H H Q R R P

 H A S S T S S R P * V S Y V R G P Q
 T P A A P R R G R S C A T C G A P S
 Q P R Q Q D V V E A V R Q V G Q R A

 GAC ACC CGC GAC GAC CAG CTG CTG GAG CCG ATG TGC GAC ATG TGG GAC GGC CCG
 31059 31068 31077 31086 31095 31104
 CTG TGG GCG CTG CTG GTC GAC GAC CTC GGC TAC ACG CTG TAC ACC CTG CCG GGC

 L W A L L V D D L G Y T L Y T L P G
 C G R C W S T T S A T R C T P C R A
 V G A A G R R P R L H A V H P A G L

 S A A S G P R S R A A R A A S S R V
 A P P P A P G R G P R E R R R A A C
 P Q R R L R A E V P G S E G G L Q A

 ACC GAC CGC CGC CTC GGC CCG GAG CTG GCC CGG CGA GAG CGG CGG CTC GAC GCG
 31113 31122 31131 31140 31149 31158
 TGG CTG GCG GCG GAG CCG GGC CTC GAC CGG GCC GCT CTC GCC GCC GAG CTG CGC

 W L A A E P G L D R A A L A A E L R
 G W R R S R A S T G P L S P P S C A
 A G G G A G P R P G R S R R R A A H

 C H Y K T A S R P G R D A R E G R P
 A T T S R R R D R A G T R G N G G L
 R L P V E D G I A P G Q G G T G G S

 TGC GTC ACC ATG AAG CAG CGG CTA GCG CCC GGG GAC AGG CGG GCA AGG GGG GCT
 31167 31176 31185 31194 31203 31212
 ACG CAG TGG TAC TTC GTC GCC GAT CGC GGG CCC CTG TCC GCC CGT TCC CCC CGA

 T Q W Y F V A D R G P L S A R S P R
 R S G T S S P I A G P C P P V P P E
 A V V L R R R S R A P V R P F P P R

 S T C E V H G I C S G G G E G G E R
 L L A N S M V S V V A G E R A E R A
 S F H M R C S R Y L Q G R G R R G R

 CCT CTT CAC GTA AGC TGT ACT GGC TAT GTT GAC GGG GGA GGG AGC GGA GGG AGC
 31221 31230 31239 31248 31257 31266
 GGA GAA GTG CAT TCG ACA TGA CCG ATA CAA CTG CCC CCT CCC TCG CCT CCC TCG

 G E V H S T * P I Q L P P P S P P S
 E K C I R H D R Y N C P L P R L P R
 R S A F D (M) T D T T A P S L A S L A

 D G F A M D P L G A Q E R L V D G G
 T G S H W I R S V P R S G S C T V A

P G R I G Y G P S R G A G P A R * R

GCC AGG GGC TTA CGG TAT AGG CCC TCT GGC CGG ACG AGG GCC TCG TGC AGT GGC
31275 31284 31293 31302 31311 31320
CGG TCC CCG AAT GCC ATA TCC GGG AGA CCG GCC TGC TCC CGG AGC ACG TCA CCG

R S P N A I S G R P A C S R S T S P
G P R M P Y P G D R P A P G A R H R
V P E C H I R E T G L L P E H V T A

E P P L T H Q G H A A Q Q A G G F Q
K R R C P T S A T R P R S L G A S S
R G A A P H A P R A R G A S G R R V

GGA AGG CCG CCG TCC CAC ACG ACC GGC ACG CGC CGG ACG ACT CGG GGC GGC TTG
31329 31338 31347 31356 31365 31374
CCT TCC GGC GGC AGG GTG TGC TGG CCG TGC GCG GCC TGC TGA GCC CCG CCG AAC

P S G G R V C W P C A A C * A P P N
L P A A G C A G R A R P A E P R R T
F R R Q G V L A V R G L L S P A E L

L R H L L R R G A Q D V V G P A G P
S D T C S A A A P R I S S A Q R V R
P T P A P P P P R G S R R R R A C G

ACC TCA GCC ACG TCC TCC GCC GCC GGC CGG ACT AGC TGC TGC GGA CCG CGT GGG
31383 31392 31401 31410 31419 31428
TGG AGT CGG TGC AGG AGG CGG CGG CCG GCC TGA TCG ACG ACG CCT GGC GCA CCC

W S R C R R R R P A * S T T P G A P
G V G A G G G G R P D R R R L A H P
E S V Q E A A A G L I D D A W R T R

G H V V G D P R Q L G V L G V R G R
D M C S V M Q V S S G W S G S A A G
T W A R C W R S A P A G R A R R P G

CCA GGT ACG TGC TGT GGT AGA CCT GCG ACC TCG GGG TGC TCG GGC TGC GCC GGG
31437 31446 31455 31464 31473 31482
GGT CCA TGC ACG ACA CCA TCT GGA CGC TGG AGC CCC ACG AGC CCG ACG CGG CCC

G P C T T P S G R W S P T S P T R P
V H A R H H L D A G A P R A R R G P
S M H D T I W T L E P H E P D A A P

D A D L V D H V L G R H H G P Q R A
T R M S Y T M S L D G T I A R S A P
P G C R T R * P C T G P S P G A P P

GCC AGG CGT AGC TCA TGC AGT ACC TGT TCA GGG GCC ACT ACC GGG CCG ACC GCC
31491 31500 31509 31518 31527 31536
CGG TCC GCA TCG AGT ACG TCA TGG ACA AGT CCC CGG TGA TGG CCC GGC TGG CGG

R S A S S T S W T S P R * W P G W R
G P H R V R H G Q V P G D G P A G G
V R I E Y V M D K S P V M A R L A G

M	R	Q	Q	Q	A	G	H	L	G	Q	D	P	R	V	E	D	G
W	G	S	S	S	R	A	M	S	V	R	T	P	G	F	K	M	G
G	D	A	A	A	A	R	W	P	S	G	P	R	A	S	S	*	G

CGG	TAG	GCG	ACG	ACG	ACG	CGC	GGT	ACC	TCT	GGG	ACC	AGC	CCG	GCT	TGA	AGT	AGG
	31545				31554			31563			31572			31581			31590
GCC	ATC	CGC	TGC	TGC	TGC	GCG	CCA	TGG	AGA	CCC	TGG	TCG	GGC	CGA	ACT	TCA	TCC

A	I	R	C	C	C	A	P	W	R	P	W	S	G	R	T	S	S
P	S	A	A	A	A	R	H	G	D	P	G	R	A	E	L	H	P
H	P	L	L	L	R	A	M	E	T	L	V	G	P	N	F	I	P

G	P	V	A	H	H	E	L	G	G	R	A	R	G	P	Q	G	P
V	Q	S	L	M	T	N	L	V	V	A	P	A	G	R	S	A	Q
W	R	P	C	C	P	T	*	S	W	R	P	R	A	G	A	P	R

GGT	GGA	CCC	TGT	CGT	ACC	ACA	AGT	TCT	GGT	GGC	GCC	CGC	GCG	GGG	CCG	ACC	GGA
	31599				31608			31617			31626			31635			31644
CCA	CCT	GGG	ACA	GCA	TGG	TGT	TCA	AGA	CCA	CCG	CGG	GCG	CGC	CCC	GGC	TGG	CCT

P	P	G	T	A	W	C	S	R	P	P	R	A	R	P	G	W	P
H	L	G	Q	H	G	V	Q	D	H	R	G	R	A	P	A	G	L
T	W	D	S	M	V	F	K	T	T	A	G	A	P	R	L	A	W

V	T	V	A	L	H	V	G	I	G	D	G	D	G	A	A	T	A
C	R	S	P	W	I	Y	E	S	A	T	A	T	V	P	P	P	R
A	G	H	R	G	S	T	S	R	H	R	R	R	*	R	R	R	D

CCG	TGG	CAC	TGC	CGG	TCT	ACA	TGA	GGC	TAC	GGC	AGC	GGC	AGT	GGC	CGC	CGC	CAG
	31653				31662			31671			31680			31689			31698
GGC	ACC	GTG	ACG	GCC	AGA	TGT	ACT	CCG	ATG	CCG	TCG	CCG	TCA	CCG	GCG	GCG	GTC

G	T	V	T	A	R	C	T	P	M	P	S	P	S	P	A	A	V
A	P	*	R	P	D	V	L	R	C	R	R	R	H	R	R	R	S
H	R	D	G	Q	M	Y	S	D	A	V	A	V	T	G	G	G	R

D	D	V	H	A	D	V	E	V	V	R	G	L	V	V	T	D	P
T	M	S	T	P	M	*	R	S	W	A	G	S	S	L	Q	T	Q
R	*	R	R	P	C	R	G	R	G	R	A	R	P	C	S	H	R

CGC	AGT	AGC	TGC	ACC	CGT	AGA	TGG	AGC	TGG	TGC	GCG	GGC	TCC	TGT	TGA	CAC	AGA
	31707				31716			31725			31734			31743			31752
GCG	TCA	TCG	ACG	TGG	GCA	TCT	ACC	TCG	ACC	ACG	CGC	CCG	AGG	ACA	ACT	GTG	TCT

A	S	S	T	W	A	S	T	S	T	T	R	P	R	T	T	V	S
R	H	R	R	G	H	L	P	R	P	R	A	R	G	Q	L	C	L
V	I	D	V	G	I	Y	L	D	H	A	P	E	D	N	C	V	W

G	D	R	L	G	V	V	P	L	V	L	L	D	G	L	G	G	V
A	M	G	C	D	L	*	Q	S	S	S	C	T	V	S	V	A	S
P	W	G	A	T	W	S	S	P	P	R	A	P	*	R	S	R	R

CCC	GGT	AGG	GCG	TCA	GGT	TGA	TGA	CCC	TCC	TGC	TCG	TCC	AGT	GGC	TCT	GGC	GGC
	31761				31770			31779			31788			31797			31806
GGG	CCA	TCC	CGC	AGT	CCA	ACT	ACT	GGG	AGG	ACG	AGC	AGG	TCA	CCG	AGA	CCG	CCG

G P S R S P T T G R T S R S P R P P
 G H P A V Q L L G G R A G H R D R R
 A I P Q S N Y W E D E Q V T E T A D

 P E V G G L P V R G P G D G G H H P
 R S L A V S H S A V P A T G A T I R
 G A * R W R T P R S R P R G R R S A

 TGG CCG AGT TGC GGT GGC TCA CCC TGC GCT GGC CCC GGC AGG GGC GGC ACT ACG
 31815 31824 31833 31842 31851 31860
 ACC GGC TCA ACG CCA CCG AGT GGG ACG CGA CCG GGG CCG TCC CCG CCG TGA TGC

 T G S T P P S G T R P G P S P P * C
 P A Q R H R V G R D R G R P R R D A
 R L N A T E W D A T G A V P A V M R

 R A V G Q Q V V D Q C Q V A G R R H
 G P S A R S C L M R V S C P A G A T
 A P R R G A A C C G S V A R R G P P

 CCG GCC CGC TGC GGG ACG ACG TGT TGT AGG ACT GTG ACG TGC CGC GGG GCC GCC
 31869 31878 31887 31896 31905 31914
 GGC CGG GCG ACG CCC TGC TGC ACA ACA TCC TGA CAC TGC ACG GCG CCC CGG CGG

 G R A T P C C T T S * H C T A P R R
 A G R R P A A Q H P D T A R R P G G
 P G D A L L H N I L T L H G A P A V

 H A L L A P D D V V L V P G A L H L
 T P L C R L T T * * S Y R G P S T S
 P P C A A C P R R S R T G A R R P P

 ACC ACC CGT TCG TCG CGT CCC AGC AGA TGA TGC TCA TGG CCG GGC CGC TCC ACC
 31923 31932 31941 31950 31959 31968
 TGG TGG GCA AGC AGC GCA GGG TCG TCT ACT ACG AGT ACC GGC CCG GCG AGG TGG

 W W A S S A G S S T T S T G P A R W
 G G Q A A Q G R L L R V P A R R G G
 V G K Q R R V V Y Y E Y R P G E V E

 T L E A R V H G L V H P E L L L H Q
 R * S P G C T G S Y T P S L C C T S
 A D A R G A R A R T R P A * A A P A

 TCG CAG TCG AGC CGG GCG TGC ACG GGC TCA TGC ACC CCG AGT TCG TCG TCC ACG
 31977 31986 31995 32004 32013 32022
 AGC GTC AGC TCG GCC CGC ACG TGC CCG AGT ACG TGG GGC TCA AGC AGC AGG TGC

 S V S S A R T C P S T W G S S S R C
 A S A R P A R A R V R G A Q A A G A
 R Q L G P H V P E Y V G L K Q Q V L

 A R A Q L L P G R G P L V P V L L G
 R A H R S C R A A D P S C R S S S G
 A R T G P A A P R T R P A G P R P A

 ACG CGC GCA CGG ACC TCG TCG CCC GGC GCA GGC CCC TCG TGG CCC TGC TCC TCG

32031			32040			32049			32058			32067			32076		
TGC	GCG	CGT	GCC	TGG	AGC	AGC	GGG	CCG	CGT	CCG	GGG	AGC	ACC	GGG	ACG	AGG	AGC
C	A	R	A	W	S	S	G	P	R	P	G	S	T	G	T	R	S
A	R	V	P	G	A	A	G	R	V	R	G	A	P	G	R	G	A
R	A	C	L	E	Q	R	A	A	S	G	E	H	R	D	E	E	P
E	L	V	A	R	H	L	L	V	P	E	P	V	L	R	G	R	D
K	S	Y	R	G	T	S	C	Y	R	S	Q	S	S	D	G	A	I
R	R	T	G	G	P	P	A	T	G	A	R	P	R	T	A	R	S
GGA	AGC	TCA	TGG	CGG	GCC	ACC	TCG	TCA	TGG	CCG	AGA	CCC	TGC	TCA	GCG	GGC	GCT
32085			32094			32103			32112			32121			32130		
CCT	TCG	AGT	ACC	GCC	CGG	TGG	AGC	AGT	ACC	GGC	TCT	GGG	ACG	AGT	CGC	CCG	CGA
P	S	S	T	A	R	W	S	S	T	G	S	G	T	S	R	P	R
L	R	V	P	P	G	G	A	V	P	A	L	G	R	V	A	R	D
F	E	Y	R	P	V	E	Q	Y	R	L	W	D	E	S	P	A	I
G	A	Q	P	E	R	V	L	L	V	P	P	P	S	G	A	S	G
E	P	R	R	N	G	C	S	S	Y	Q	R	H	H	V	Q	Q	A
R	R	G	A	T	G	A	R	P	T	S	A	T	T	F	R	S	L
AGA	GGC	CGG	ACG	CCA	AGG	GCG	TGC	TCC	TCA	TGA	CCG	CCA	CCA	CTT	GGA	CGA	CTC
32139			32148			32157			32166			32175			32184		
TCT	CCG	GCC	TGC	GGT	TCC	CGC	ACG	AGG	AGT	ACT	GGC	GGT	GGT	GAA	CCT	GCT	GAG
S	P	A	C	G	S	R	T	R	S	T	G	G	G	E	P	A	E
L	R	P	A	V	P	A	R	G	V	L	A	V	V	N	L	L	S
S	G	L	R	F	P	H	E	E	Y	W	R	W	*	T	C	*	A
G	A	A	A	P	R	A	R	G	P	A	P	A	G	P	R	R	A
A	Q	R	Q	Q	A	R	E	G	R	R	R	R	A	R	A	A	L
R	R	G	S	S	P	A	S	A	G	A	G	A	R	G	P	P	S
GGC	GGA	CGG	CGA	CGA	CCC	GCG	CGA	GCG	GGG	CCG	CGG	CCG	CGC	GGG	CCC	GCC	GCT
32193			32202			32211			32220			32229			32238		
CCG	CCT	GCC	GCT	GCT	GGG	CGC	GCT	CGC	CCC	GGC	GCC	GGC	GCG	CCC	GGG	CGG	CGA
P	P	A	A	A	G	R	A	R	P	G	A	G	A	P	G	R	R
R	L	P	L	L	G	A	L	A	P	A	P	A	R	P	G	G	E
A	C	R	C	W	A	R	S	P	R	R	R	R	A	R	A	A	S
W	R	G	P	P	*	R	R	A	S	G	P	A	S	R	D	A	G
G	G	G	L	L	D	D	G	L	A	E	P	L	P	G	I	R	A
G	V	A	W	S	T	M	A	S	R	K	R	S	R	V	S	G	R
CGG	GTG	GCG	GGT	CCT	CCA	GTA	GCG	GCT	CGC	GAA	GGC	CCT	CGC	CTG	GCT	AGG	CGC
32247			32256			32265			32274			32283			32292		
GCC	CAC	CGC	CCA	GGA	GGT	CAT	CGC	CGA	GCG	CTT	CCG	GGA	GCG	GAC	CGA	TCC	GCG
A	H	R	P	G	G	H	R	R	A	L	P	G	A	D	R	S	A
P	T	A	Q	E	V	I	A	E	R	F	R	E	R	T	D	P	R
P	P	P	R	R	S	S	P	S	A	S	G	S	G	P	I	R	A
R	R	S	P	R	R	G	D	A	R	G	G	C	R	A	P	R	A
G	A	V	P	G	V	G	M	Q	E	V	E	A	V	R	Q	G	L

G P S Q A * A W R S S R R L A S A S

GGG GCC GCT GAC CCG GAT GCG GGT AGA CGA GCT GGA GGC GTT GCG CGA CCG GCT
32301 32310 32319 32328 32337 32346
CCC CGG CGA CTG GGC CTA CGC CCA TCT GCT CGA CCT CCG CAA CGC GCT GGC CGA

P R R L G L R P S A R P P Q R A G R
P G D W A Y A H L L D L R N A L A E
P A T G P T P I C S T S A T R W P S

A R R P T P A S A R S R L P C R A T
L E G P R R P A P E V E S R A G R R
C S A P A D P R Q S S K P A P V E G

CGT CGA GCG GCC CCG CAG CCC CGC GAC CGA GCT GAA GCC TCG CCC GTG GAG CGG
32355 32364 32373 32382 32391 32400
GCA GCT CGC CGG GGC GTC GGG GCG CTG GCT CGA CTT CGG AGC GGG CAC CTC GCC

A A R R G V G A L A R L R S G H L A
Q L A G A S G R W L D F G A G T S P
S S P G R R G A G S T S E R A P R R

G R G A G R R G A P S P R S A R R R
V A V Q E G A G P Q L R G L H A A A
Y R S R S G P A R S S V A S I R P P

CAT GGC GCT GGA CGA GGG GCC GCG GGC CGA CCT CTG CCG GCT CTA CGC GCC GCC
32409 32418 32427 32436 32445 32454
GTA CCG CGA CCT GCT CCC CGG CGC CCG GCT GGA GAC GGC CGA GAT GCG CGG CGG

V P R P A P R R P A G D G R D A R R
Y R D L L P G A R L E T A E M R G G
T A T C S P A P G W R R P R C A A A

P G S P P D R A P R P R A T R G A P
L V Q R R I V L Q V L G P Q A A Q R
S S R V A S * S S S S A P S H P R G

GCT CCT GGA CTG CCG CCT AGT GCT CGA CCT GCT CCG GCC CGA CAC GCC GGA CGG
32463 32472 32481 32490 32499 32508
CGA GGA CCT GAC GGC GGA TCA CGA GCT GGA CGA GGC CGG GCT GTG CGG CCT GCC

R G P D G G S R A G R G R A V R P A
E D L T A D H E L D E A G L C G L P
R T * R R I T S W T R P G C A A C R

R S T R R H A R W G P G P V R S P G
V A R E V T H E G G L D Q F V H R V
S P E N S P T S E V W T R S C T V S

CCT GCC GAG CAA GCT GCC ACA CGA GAG GTG GGT CCA GGA CCT TGT GCA CTG CCT
32517 32526 32535 32544 32553 32562
GGA CGG CTC GTT CGA CGG TGT GCT CTC CAC CCA GGT CCT GGA ACA CGT GAC GGA

G R L V R R C A L H P G P G T R D G
D G S F D G V L S T Q V L E H V T D
T A R S T V C S P P R S W N T * R T

P G A D A R P A G A A A A P R C A P
 R V Q M Q A L R E P Q Q P R A A P Q
 G S R C R R S A S R S S R G P P L S

 GGG CCT GGA CGT AGA CGC GCT CCG CGA GGC CGA CGA CGC CGG CCC GCC GTC CGA
 32571 32580 32589 32598 32607 32616
 CCC GGA CCT GCA TCT GCG CGA GGC GCT CCG GCT GCT GCG GCC GGG CGG CAG GCT

 P G P A S A R G A P A A A A G R Q A
 P D L H L R E A L R L L R P G G R L
 R T C I C A R R S G C C G R A A G W

 A T W A H R R P P A R R A P G T A S
 H Q G R M A D P L L V A P L V Q P A
 T S D V C P T Q S S C P P C S R H R

 CCA CGA CAG GTG CGT ACC GCA GAC CCT CCT CGT GCC GCC CGT CCT GGA CAC CGC
 32625 32634 32643 32652 32661 32670
 GGT GCT GTC CAC GCA TGG CGT CTG GGA GGA GCA CGG CGG GCA GGA CCT GTG GCG

 G A V H A W R L G G A R R A G P V A
 V L S T H G V W E E H G G Q D L W R
 C C P R M A S G R S T A G R T C G A

 S R R R V R P G P R A P R T * R P G
 P G G V S E R G L G L P G P E G H V
 Q V A S P S A A W A S R A P N V T S

 GAC CTG GCG GCT GCC TGA GCG CCG GGT CCG GCT CGC CCG GCC CAA GTG GCA CCT
 32679 32688 32697 32706 32715 32724
 CTG GAC CGC CGA CGG ACT CGC GGC CCA GGC CGA GCG GGC CGG GTT CAC CGT GGA

 L D R R R T R G P G R A G R V H R G
 W T A D G L A A Q A E R A G F T V D
 G P P T D S R P R P S G P G S P W T

 F P * A * R R V A R D A A G A A S G
 S R D L E G A S R A T Q Q E Q Q A V
 R V T L S V Q P G R P R S S R S R *

 GGC TTG CCA GTT CGA GTG GAC GCC TGG CGC GCC AGA CGA CGA GGA CGA CGC GAT
 32733 32742 32751 32760 32769 32778
 CCG AAC GGT CAA GCT CAC CTG CGG ACC GCG CGG TCT GCT GCT CCT GCT GCG CTA

 P N G Q A H L R T A R S A A P A A L
 R T V K L T C G P R G L L L L R Y
 E R S S S P A D R A V C C S C C A T

 R G P A R S A P P R D P R A A A A S
 V A P L V A P R R A T R D P Q Q Q P
 W P R S C P Q G A P P G T P S S S R

 GGT GCC GGC CCT CGT GCC GAC CGG CCG CCC GCC AGG CCA GCC CGA CGA CGA CGC
 32787 32796 32805 32814 32823 32832
 CCA CGG CCG GGA GCA CGG CTG GCC GGC GGG CGG TCC GGT CGG GCT GCT GCT GCG

P R E G A R L A G G R S G R A A A A
 H G R E H G W P A G G P V G L L L R
 T A G S T A G R R A V R S G C C C G

 G P G P R G A A G A G R R R S G R G
 G Q G Q G V P Q A R A E D V V V E V
 V R A R A S R S R G R R T S S * R S

 CTG GGA CCG GGA CCG GCT GGC CGA CGC GGG CGC GGA GCA GCT GCT GAT GGA GCT
 32841 32850 32859 32868 32877 32886
 GAC CCT GGC CCT GGC CGA CCG GCT GCG CCC GCG CCT CGT CGA CGA CTA CCT CGA

 D P G P G R P A A P A P R R R L P R
 T L A L A D R L R P R L V D D Y L D
 P W P W P T G C A R A S S T T T S T

 P R R R G L G R R P G P R A T R G P
 P D E G A L A A D L A R G L R E V Q
 R T K A P W P R T S P G A S G N * R

 GGC CCA GAA GCG GCC GGT TCC GGC GCA GCT CCC GGG CCG GCT CGG CAA GAT GGA
 32895 32904 32913 32922 32931 32940
 CCG GGT CTT CGC CGG CCA AGG CCG CGT CGA GGG CCC GGC CGA GCC GTT CTA CCT

 P G L R R P R P R R G P G R A V L P
 R V F A G Q G R V E G P A E P F Y L
 G S S P A K A A S R A R P S R S T W

 C G A S R W C A A R A P S A P S P R
 V D Q Q G G A L R A L R L L R L P V
 S M R S V A L L G R S G S F G S L S

 CCT GTA GGA CGA CTG GCG GTC GTT CGG CGC GCT CGG CCT CTT CGG CCT CTC CCT
 32949 32958 32967 32976 32985 32994
 GGA CAT CCT GCT GAC CGC CAG CAA GCC GCG CGA GCC GGA GAA GCC GGA GAG GGA

 G H P A D R Q Q A A R A G E A G E G
 D I L L T A S K P R E P E K P E R D
 T S C * P P A S R A S R R S R R G T

 S I V W G G G L G V M H T S G H I W
 R Y S G A G A W D W W T H A A T S G
 A I H G L G R G T G G H T H Q R P D

 GCG CTA TAC TGG GTC GGG GGC GGG TCA GGG TGG TAC ACA CAC GAC GGC ACC TAG
 33003 33012 33021 33030 33039 33048
 CGC GAT ATG ACC CAG CCC CCG CCC AGT CCC ACC ATG TGT GTG CTG CCG TGG ATC

 R D M T Q P P P S P T M C V L P W I
 A I * P S P R P V P P C V C C R G S
 R Y D P A P A Q S H H V C A A V D P

 R H A E M S P T * P R Q Q T S S E I
 G T R R W R R H R R G S S H P R S S
 V Q A G G D V T D V A A A T H V V R

 GTG GAC ACG CGG AGG TAG CTG CCA CAG ATG CCG GCG ACG ACA CAC CTG CTG AGC

X12

33057 33066 33075 33084 33093 33102
 CAC CTG TGC GCC TCC ATC GAC GGT GTC TAC GGC CGC TGC TGT GTG GAC GAC TCG

 H L C A S I D G V Y G R C C V D D S
 T C A P P S T V S T A A A V W T T R
 P V R L H R R C L R P L L C G R L D

 Y W L S S Y S D S A S G T K L S L A
 T G C R A T R I R P P A P R * A * R
 H V V V L Q V F G L R L R D E L E V

 TAC ATG GTG TTG CTC GAC ATG CTT AGG CTC CGC CTC GGC CAG AAG TTC GAG TTG
 33111 33120 33129 33138 33147 33156
 ATG TAC CAC AAC GAG CTG TAC GAA TCC GAG GCG GAG CCG GTC TTC AAG CTC AAC

 M Y H N E L Y E S E A E P V F K L N
 C T T T S C T N P R R S R S S S S T
 V P Q R A V R I R G G A G L Q A Q R

 S A T P Q A G L E R * A C S L G S S
 R R Q R S R A W S G S R V P C D R H
 G V S D A A R G V G A V C L V I G I

 CGG CTG CGA CAG CCG ACG CGC GGG TTG AGG GCG ATG CGT GTC CTG TTA GGG CTA
 33165 33174 33183 33192 33201 33210
 GCC GAC GCT GTC GGC TGC GCG CCC AAC TCC CGC TAC GCA CAG GAC AAT CCC GAT

 A D A V G C A P N S R Y A Q D N P D
 P T L S A A R P T P A T H R T I P M
 R R C R L R A Q L P L R T G Q S R *

 T L P S V S A N L L G L M R R V R S
 P * L A S R P T * C G W C A A S G A
 L D S P Q G L R E V A G V H P P G P

 CTC CAG TCT CCC GAC TGG CTC CGC AAG TTG TCG GGG TTG TAC GCC GCC TGG GCC
 33219 33228 33237 33246 33255 33264
 GAG GTC AGA GGG CTG ACC GAG GCG TTC AAC AGC CCC AAC ATG CGG CGG ACC CGG

 E V R G L T E A F N S P N M R R T R
 R S E G * P R R S T A P T C G G P G
 G Q R A D R G V Q Q P Q H A A D P A

 A I S A P S R T D A H S * Q * * R S
 P S A P R R A R T R T R S S S D G R
 Q R H Q G A L A H G R A V V A I V A

 GAC CGC TAC GAC CGG CCG CTC GCG CAC AGG CGC ACG CTG ATG ACG ATA GTG GCG
 33273 33282 33291 33300 33309 33318
 CTG GCG ATG CTG GCC GGC GAG CGC GTG TCC GCG TGC GAC TAC TGC TAT CAC CGC

 L A M L A G E R V S A C D Y C Y H R
 W R C W P A S A C P R A T T A I T A
 G D A G R R A R V R V R L L L S P R

 S R P A V D * R C L M L S R N A S V
 P G P R S T R G A S C * R A T R R C

L V P A R R G V P L A D V L P E G V

 CTC CTG GCC CCG CGC TGC AGG ATG GCC GTC TCG TAG TTG CTC GCC AAG CGG CTG
 33327 33336 33345 33354 33363 33372
 GAG GAC CGG GGC GCG ACG TCC TAC CGG CAG AGC ATC AAC GAG CGG TTC GCC GAC

 E D R G A T S Y R Q S I N E R F A D
 R T G A R R P T G R A S T S G S P T
 G P G R D V L P A E H Q R A V R R H

 T S K A S R A S R V A G S P E N S S
 P P S R R D P R V Y R G R R S T R P
 R H V E G I Q G F T G G G V A R E L

 TGC CAC CTG AAG CGG CTA GAC CGG CTT GCA TGG CGG GGG CTG CCG AGC AAG CTC
 33381 33390 33399 33408 33417 33426
 ACG GTG GAC TTC GCC GAT CTG GCC GAA CGT ACC GCC CCC GAC GGC TCG TTC GAG

 T V D F A D L A E R T A P D G S F E
 R W T S P I W P N V P P P T A R S R
 G G L R R S G R T Y R P R R L V R G

 N G K K R S M R N P L V Q L R R H T
 T G R R G R C G T R C C R C G A T R
 L E G E E E V D P E A V G A V Q P A

 CTC AAG GGG AAG AAG GAG CTG TAG GCC AAG CCG TTG TGG ACG TTG GAC GCC ACG
 33435 33444 33453 33462 33471 33480
 GAG TTC CCC TTC TTC CTC GAC ATC CGG TTC GGC AAC ACC TGC AAC CTG CGG TGC

 E F P F F L D I R F G N T C N L R C
 S S P S S S T S G S A T P A T C G A
 V P L L P R H P V R Q H L Q P A V R

 I H A * G T L E P Q P A L F R G F H
 S T R R G P * S R S P H W S A G S I
 H H A G V R D A G A P T G L L A R F

 CAC TAC ACG CGG ATG GGC CAG TCG AGG CCG ACC CCA CGG TTC TTC GCG GGC TTT
 33489 33498 33507 33516 33525 33534
 GTG ATG TGC GCC TAC CCG GTC AGC TCC GGC TGG GGT GCC AAG AAG CGC CCG AAA

 V M C A Y P V S S G W G A K K R P K
 * C A P T R S A P A G V P R S A R N
 D V R L P G Q L R L G C Q E A P E M

 D D A T I S G Y R S S S S S H A V S
 T T R P S R G T G P P R P A T P S A
 P R G R H D V R V P L V L L Q P R R

 ACC AGC AGG CGC CAC TAG CTG GGC ATG GCC CTC CTG CTC CTC GAC ACC CGC TGC
 33543 33552 33561 33570 33579 33588
 TGG TCG TCC GCG GTG ATC GAC CCG TAC CGG GAG GAC GAG GAG CTG TGG GCG ACG

 W S S A V I D P Y R E D E E L W A T
 G R P R * S T R T G R T R S C G R R
 V V R G D R P V P G G R G A V G D A


```

R S F A W R M R R S Y K A P P S G K
A R S R G G * G A A T S R P R R A R
Q A L V G V E D P P Q V E R A A L G
-----
GAC GCG CTC TTG CGG GTG GAG TAG GCC GCC GAC ATG AAG CGC CCG CCG CTC GGG
33597 33606 33615 33624 33633 33642
CTG CGC GAG AAC GCC CAC CTC ATC CGG CGG CTG TAC TTC GCG GGC GGC GAG CCC
-----
L R E N A H L I R R L Y F A G G E P
C A R T P T S S G G C T S R A A S P
A R E R P P H P A A V L R G R R A L
-----
M C G P W K A I S S R S I S V P L A
* A A R G S R S A P G A S R S R C R
E H L G A V E R H Q V Q Q D L G A V
-----
AAG TAC GTC GGG CCG GTG AAG CGC TAC GAC CTG GAC GAC TAG CTC TGG CCG TTG
33651 33660 33669 33678 33687 33696
TTC ATG CAG CCC GGC CAC TTC GCG ATG CTG GAC CTG CTG ATC GAG ACC GGC AAC
-----
F M Q P G H F A M L D L L I E T G N
S C S P A T S R C W T C * S R P A T
H A A R P L R D A G P A D R D R Q R
-----
S F T S M T * L E L R V T S G S F T
P F R R C R R C S W G * P A A P S P
R F V D V D D V V G V E R H Q R L L
-----
CGC CTT TTG CAG CTG TAG CAG ATG TTG AGG TTG GAG TGC CAC GAC GGC CTC TTC
33705 33714 33723 33732 33741 33750
GCG GAA AAC GTC GAC ATC GTC TAC AAC TCC AAC CTC ACG GTG CTG CCG GAG AAG
-----
A E N V D I V Y N S N L T V L P E K
R K T S T S S T T P T S R C C R R R
G K R R H R L Q L Q P H G A A G E G
-----
K S R K G C K L L T P I P A D Q S P
R R G S G A S * S R R S R R T R R R
D E V A E R V E L A D P D A R G A V
-----
CAG AAG CTG GCG AAG GGC GTG AAG TTC TCG CAG CCC TAG CCG CGC AGG ACG CTG
33759 33768 33777 33786 33795 33804
GTC TTC GAC CGC TTC CCG CAC TTC AAG AGC GTC GGG ATC GGC GCG TCC TGC GAC
-----
V F D R F P H F K S V G I G A S C D
S S T A S R T S R A S G S A R P A T
L R P L P A L Q E R R D R R V L R R
-----
T P S T K S R M R W G A F H S T K T
R R R P R R A C G G A R S T P R R R
A D A L D E L A D A L G R L P V D E
-----
CCG CAG CCG CTC CAG AAG CTC GCG TAG GCG GTC GGG CGC TTC ACC CTG CAG AAG
33813 33822 33831 33840 33849 33858
GGC GTC GGC GAG GTC TTC GAG CGC ATC CGC CAG CCC GCG AAG TGG GAC GTC TTC
-----

```

G V G E V F E R T R Q P A K W D V F
 A S A R S S S A S A S P R S G T S S
 R R R G L R A H P P A R E V G R L R

 A F T R R A L V S T F R H S W T A G
 R S R V G H W S R P S G T A G P R G
 D R V Y A T G L G L H V Q P E L D G

 CAG CGC TTG CAT GCG GCA CGG TTC TGG CTC CAC TTG GAC ACC GAG GTC CAG CGG
 33867 33876 33885 33894 33903 33912
 GTC GCG AAC GTA CGC CGT GCC AAG ACC GAG GTG AAC CTG TGG CTC CAG GTC GCC

 V A N V R R A K T E V N L W L Q V A
 S R T Y A V P R P R * T C G S R S P
 R E R T P C Q D R G E P V A P G R P

 C R S F R H P S R S R S S K A R S S
 A A A S G T P V A P G A A R R G R P
 R L P Q V Q P S Q P V Q Q E E G A L

 GGC GTC GCC GAC TTG GAC ACC CCT GAC GCC CTG GAC GAC GAG AAG CGG GCG CTC
 33921 33930 33939 33948 33957 33966
 CCG CAG CGG CTG AAC CTG TGG GGA CTG CGG GAC CTG CTG CTC TTC GCC CGC GAG

 P Q R L N L W G L R D L L L F A R E
 R S G * T C G D C G T C C S S P A R
 A A A E P V G T A G P A A L R P R G

 P R S A S R A L T T C H G S S R D T
 P G R R P G P W H R A T A R R G T P
 L A E V R V Q G I D H L P G V V Q R

 CTC CCG GAG CTG CGC CTG GAC CGG TTA CAG CAC GTC ACC GGG CTG CTG GAC AGC
 33975 33984 33993 34002 34011 34020
 GAG GGC CTC GAC GCG GAC CTG GCC AAT GTC GTG CAG TGG CCC GAC GAC CTG TCG

 E G L D A D L A N V V Q W P D D L S
 R A S T R T W P M S C S G P T T C R
 G P R R G P G Q C R A V A R R P V G

 A L R G S S S F R R A V T S S A S S
 R W D G P R P S A V P S R R A P R V
 D G I E R V L L L S P R G D L Q G F

 CAG CGG TTA GAG GGC CTG CTC CTC TTC GCT GCC CGC TGG CAG CTC GAC CGG CTT
 34029 34038 34047 34056 34065 34074
 GTC GCC AAT CTC CCG GAC GAG GAG AAG CGA CGG GCG ACC GTC GAG CTG GCC GAA

 V A N L P D E E K R R A T V E L A E
 S P I S R T R R S D G R P S S W P N
 R Q S P G R G E A T G D R R A G R T

 A S H H S P R S Q L L G A A W R R A
 R R T T R R G P S S C A R R G D A P
 E G L P A V A Q V P A L G G G M Q P

 GAG CGG CTC ACC ACG CTG CCG GAC CTG ACC TCG TTC GGG CGG CGG GTA GAC GCC

34083 34092 34101 34110 34119 34128
 CTC GCC GAG TGG TGC GAC GGC CTG GAC TGG AGC AAG CCC GCC GCC CAT CTG CGG

 L A E W C D G L D W S K P A A H L R
 S P S G A T A W T G A S P P P I C G
 R R V V R R P G L E Q A R R P S A G

 S L A N M F A A S G D S S I A S P P
 A S R T * S R R Q G T R V S R R L L
 R Q A R E H V G S V R G F Q D G F S

 CGC GAC TCG CGC AAG TAC TTG CGG CGA CTG GGC AGG CTT GAC TAG CGG CTT CCT
 34137 34146 34155 34164 34173 34182
 GCG CTG AGC GCG TTC ATG AAC GCC GCT GAC CCG TCC GAA CTG ATC GCC GAA GGA

 A L S A F M N A A D P S E L I A E G
 R * A R S * T P L T R P N * S P K E
 A E R V H E R R * P V R T D R R R R

 T H A P R R F S G Q N G L P Q A L G
 L I L P D A F A A R T A S P S R L V
 S Y S R T P S L Q G P Q R P A A C S

 CCT CAT ACT CGC CCA GCC GCT TTC GAC GGG ACC AAC GGC TCC CCG ACG CGT TCT
 34191 34200 34209 34218 34227 34236
 GGA GTA TGA GCG GGT CGG CGA AAG CTG CCC TGG TTG CCG AGG GGC TGC GCA AGA

 G V * A G R R K L P W L P R G C A R
 E Y E R V G E S C P G C R G A A Q D
 S (M) S G S A K A A L V A E G L R K T

 V S G L R R Q V P E V E D H G L A G
 * P D S V A S S P N S R T T G S P V
 R R I R S P A P R T R G R R A R P C

 GGA TGC CTA GGC TCT GCC GCG ACC TGC CCA AGC TGG AGC AGC ACG GGC TCC CGT
 34245 34254 34263 34272 34281 34290
 CCT ACG GAT CCG AGA CGG CGC TGG ACG GGT TCG ACC TCG TCG TGC CCG AGG GCA

 P T D P R R R W T G S T S S C P R A
 L R I R D G A G R V R P R R A R G H
 Y G S E T A L D G F D L V V P E G T

 H A G Q E T G V A R A L G G G Y A D
 T H A R S P G L P A P L V V A T R M
 R T R G A R D W R R P C S W R R V C

 GGC ACA CGC GGG ACG AGC CAG GGT TGC CGC GCC CGT TCT GGT GGC GGC ATG CGT
 34299 34308 34317 34326 34335 34344
 CCG TGT GCG CCC TGC TCG GTC CCA ACG GCG CGG GCA AGA CCA CCG CCG TAC GCA

 P C A P C S V P T A R A R P P P Y A
 R V R P A R S Q R R G Q D H R R T H
 V C A L L G P N G A G K T T A V R I

 Q A G Q E L R V A A T G Q H G A E I
 R L V R S L G S P P R A R T A P R S

FB

G S C G A * A P R R G H G P P R G R
 AGG ACT CGT GGG ACG AGT TCG GCC TGC CGC CGG CAC GGG ACC ACC GGC CGG AGC
 34353 34362 34371 34380 34389 34398
 TCC TGA GCA CCC TGC TCA AGC CGG ACG GCG GCC GTG CCC TGG TGG CCG GCC TCG
 S * A P C S S R T A A V P W W P A S
 P E H P A Q A G R R P C P G G R P R
 L S T L L K P D G G R A L V A G L D
 H G A L G G L H A P V D A D G A L V
 T V R S A A S T R R F M P T V P W Y
 H S G R P R R P A G S C R R * R G T
 TAC ACT GGG CGC TCC GGC GGC TCC ACG CGG CCT TGT AGC CGC AGT GGC CGG TCA
 34407 34416 34425 34434 34443 34452
 ATG TGA CCC GCG AGG CCG CCG AGG TGC GCC GGA ACA TCG GCG TCA CCG GCC AGT
 M * P A R P P R C A G T S A S P A S
 C D P R G R R G A P E H R R H R P V
 V T R E A A E V R R N I G V T G Q Y
 R R D L L D Q G A A L V Q L H P A A
 G A T S S I R V P R S F R S I H P R
 G P P R P S G S R G R S G P S T P G
 TGG GCC GCC AGC TCC TCT AGG ACT GGC CGG CGC TCT TGG ACC TCT ACA CCC CGG
 34461 34470 34479 34488 34497 34506
 ACC CGG CGG TCG AGG AGA TCC TGA CCG GCC GCG AGA ACC TGG AGA TGT GGG GCC
 T R R S R R S * P A A R T W R C G A
 P G G R G D P D R P R E P G D V G P
 P A V E E I L T G R E N L E M W G R
 E V V H A A P L R L A T R F F Q Q L
 R * W T P R L S A C R R V S S S S
 G R G R P G C P P A A G Y P L V A P
 CGG AGA TGG TGC ACC CGG CGT CCC TCC GCG TCG CGG CAT GCC TTC TTG ACG ACC
 34515 34524 34533 34542 34551 34560
 GCC TCT ACC ACG TGG GCC GCA GGG AGG CGC AGC GCC GTA CGG AAG AAC TGC TGG
 A S T T W A A G R R S A V R K N C W
 P L P R G P Q G G A A P Y G R T A G
 L Y H V G R R E A Q R R T E E L L E
 L E V Q G L G G V L P E L V V R A T
 C N S R V S A A S L R S L C * E P P
 A T R G S R P R R C A A * A S S P R
 TCG TCA AGC TGG ACT GGC TCC GGC GGC TGT TCG CCG AGT TCG TGA TGA GCC CGC
 34569 34578 34587 34596 34605 34614
 AGC AGT TCG ACC TGA CCG AGG CCG CCG ACA AGC GGC TCA AGC ACT ACT CGG GCG
 S S S T * P R P P T S G S S T T R A
 A V R P D R G R R Q A A Q A L L G R
 Q F D L T E A A D K R L K H Y S G G

H P A P E V Q G G S E E G H G L H E
 I R R L S S R A A P N K V T G L T S
 Y A A C A R G P R R I R * R A W P A

 CAT ACG CCG CGT CCG AGC TGG ACC GGC GGC CTA AGA AGT GGC ACG GGT TCC ACG
 34623 34632 34641 34650 34659 34668
 GTA TGC GGC GCA GGC TCG ACC TGG CCG CCG GAT TCT TCA CCG TGC CCA AGG TGC

 V C G A G S T W P P D S S P C P R C
 Y A A Q A R P G R R I L H R A Q G A
 M R R R L D L A A G F F T V P K V L

 E Q V L G G G A E V R A V A V L D P
 K R S S G V V P R S G R L R L S T Q
 R G P R A W W R G R G A C G C R P R

 AGA AGG ACC TGC TCG GGT GGT GGC CGG AGC TGG GCG CGT TGG CGT TGC TCC AGA
 34677 34686 34695 34704 34713 34722
 TCT TCC TGG ACG AGC CCA CCA CCG GCC TCG ACC CGC GCA ACC GCA ACG AGG TCT

 S S W T S P P P A S T R A T A T R S
 L P G R A H H R P R P A Q P Q R G L
 F L D E P T T G L D P R N R N E V W

 L H D T R H D L L A G G H Q E G R L
 F I T R E I T S C P V V T S S V V C
 S S P G N S P R A P C W R A A * W A

 CCT TCT ACC AGG CAA GCT ACC AGC TCG TCC CGT GGT GGC ACG ACG AGT GGT GCG
 34731 34740 34749 34758 34767 34776
 GGA AGA TGG TCC GTT CGA TGG TCG AGC AGG GCA CCA CCG TGC TGC TCA CCA CGC

 G R W S V R W S S R A P P C C S P R
 E D G P F D G R A G H H R A A H H A
 K M V R S M V E Q G T T V L L T T Q

 V Q L L G V P E G V L D R H D V R A
 Y R S S A S R S A S W I E T I S A P
 T G P P P R G A R R G S R P S R R P

 TCA TGG ACC TCC TCC GGC TGG CCG AGC GGC TGG TCT AGA GCC ACT AGC TGC GCC
 34785 34794 34803 34812 34821 34830
 AGT ACC TGG AGG AGG CCG ACC GGC TCG CCG ACC AGA TCT CGG TGA TCG ACG CGG

 S T W R R P T G S P T R S R * S T R
 V P G G G R P A R R P D L G D R R G
 Y L E E A D R L A D Q I S V I D A G

 A P D D L A G G L G Q L G Q H A A V
 R P T T S P V G S V R F D R T P P S
 G R P R R P C G R S G S T G P P R R

 CGG CGC CCC AGC AGC TCC CGT GGG GGC TCT GGG ACT TCA GGG ACC ACC CGC CGC
 34839 34848 34857 34866 34875 34884
 GCC GCG GGG TCG TCG AGG GCA CCC CCG AGA CCC TGA AGT CCC TGG TGG GCG GCG

A A G S S R A P P R P * S P W W A A
 P R G R R G H P R D P E V P G G R R
 R G V V E G T P E T L K S L V G G D

 P D H H G Q R G G L V Q R G G R S L
 R I T T V R A A V S S R D A A A A *
 G S R P S G P P W R P G T P R R P E

 TGG CCT AGC ACC ACT GGG ACC GCC GGT GGC TCC TGG ACA GCC GGC GGC GCC GAG
 34893 34902 34911 34920 34929 34938
 ACC GGA TCG TGG TGA CCC TGG CGG CCA CCG AGG ACC TGT CGG CCG CCG CGG CTC

 T G S W * P W R P P R T C R P P R L
 P D R G D P G G H R G P V G R R G S
 R I V V T L A A T E D L S A A A A Q

 D G A E R P G L G L H V G L G A T D
 T A R K V P V S G S T S A S A R R I
 P R G S * P S R A R P P R R P G G Y

 TCC AGC GGG CGA AGT GCC CCT GGC TCG GGC TCC ACC TGC GGC TCC GGG CGG CAT
 34947 34956 34965 34974 34983 34992
 AGG TCG CCC GCT TCA CGG GGA CCG AGC CCG AGG TGG ACG CCG AGG CCC GCC GTA

 R S P A S R G P S P R W T P R P A V
 G R P L H G D R A R G G R R G P P Y
 V A R F T G T E P E V D A E A R R I

 V R R Y A V P D A V E H L D H L Q Q
 S A G T R S R T P S R T S I T C S S
 R R A P V R G P R R G R P S R A A A

 AGC TGC GCG GCC ATG CGC TGG CCC AGC CGC TGG AGC ACC TCT AGC ACG TCG ACG
 35001 35010 35019 35028 35037 35046
 TCG ACG CGC CGG TAC GCG ACC GGG TCG GCG ACC TCG TGG AGA TCG TGC AGC TGC

 S T R R Y A T G S A T S W R S C S C
 R R A G T R P G R R P R G D R A A A
 D A P V R D R V G D L V E I V Q L L

 A P L A V A H D I H R Q A A R R Q I
 R P C P W P T T S T D S R R G V S S
 A R A P G R R P R H T A A G G S A P

 ACG CGC CCG TCC CGG TGC CGC ACC AGC TAC ACA GCG ACG CGG CGG GCT GCG ACC
 35055 35064 35073 35082 35091 35100
 TGC GCG GGC AGG GCC ACG GCG TGG TCG ATG TGT CGC TGC GCC GCC CGA CGC TGG

 C A G R A T A W S M C R C A A R R W
 A R A G P R R G R C V A A P P D A G
 R G Q G H G V V D V S L R R P T L D

 V H E Q V R G V T G T S P L L R D S
 S T N R C A V L R A P R L F S G T P
 H R T G A R S W G H R D F S P A P R

 TAC TGC ACA AGG ACG TGC GCT GGT TGG CAC GGC CAG CTT CCT TCC TCG GCC AGC

35109 35118 35127 35136 35145 35154
 ATG ACG TGT TCC TGC ACG CGA CCA ACC GTG CCG GTC GAA GGA AGG AGC CGG TCG

 M T C S C T R P T V P V E G R S R S
 * R V P A R D Q P C R S K E G A G R
 D V F L H A T N R A G R R K E P V G

 S P R A P F P G S P R * R R S P P R
 H H G H Q S P G A P G D G V A P H D
 I I A T S P L A R Q A T V S P Q T T

 CTA CTA CCG GCA CGA CCC TTC CCG GGC GAC CCG GCA GTG GCT GCC GAC CCA CCA
 35163 35172 35181 35190 35199 35208
 GAT GAT GGC CGT GCT GGG AAG GGC CCG CTG GGC CGT CAC CGA CGG CTG GGT GGT

 D D G R A G K G P L G R H R R L G G
 (M) M A V L G R A R W A V T D G W V V
 * W P C W E G P A G P S P T A G W S *ABC*

 G R W C S * S A A C D R A S R R S C
 A A G V H D V P P A I G P Q D E V A
 P R A L M I L Q R R L G P S I K * Q

 GCC GGC GCG GTT GTA CTA GTT GAC CGC CGC GTT AGG GCC CGA CTA GAA GAT GAC
 35217 35226 35235 35244 35253 35262
 CGG CCG CGC CAA CAT GAT CAA CTG GCG GCG CAA TCC CGG GCT GAT CTT CTA CTG

 R P R Q H D Q L A A Q S R A D L L L
 G R A N M I N W R R N P G L I F Y C
 A A P T * S T G G A I P G * S S T A

 S T G S * S P P R R T R T R C R W T
 H H E R D H R H D E P V H E A A G H
 M I N G I M V T T K P Y T N P L A M

 GTA CTA CAA GGG CTA GTA CTG CCA CCA GAA GCC CAT GCA CAA GCC GTC GCG GTA
 35271 35280 35289 35298 35307 35316
 CAT GAT GTT CCC GAT CAT GAC GGT GGT CTT CGG GTA CGT GTT CGG CAG CGC CAT

 H D V P D H D G G L R V R V R Q R H
 M M F P I M T V V F G Y V F G S A M
 * C S R S * R W S S G T C S A A P C

 R P P R R H S G R T G S A P A T R V
 G H R A A T V V A L E Q H R P Q E S
 D T A P P P S * R S N R I G P S N P

 CAG GCA CCG CCC GCC GCC ACT GAT GGC GCT CAA GGA CTA CGG CCC CGA CAA GCC
 35325 35334 35343 35352 35361 35370
 GTC CGT GGC GGG CGG CGG TGA CTA CCG CGA GTT CCT GAT GCC GGG GCT GTT CGG

 V R G G R R * L P R V P D A G A V R
 S V A G G G D Y R E F L M P G L F G
 P W R A A V T T A S S * C R G C S D

 P S S T R H R * W C A P R * W R P R
 L R H H E T D D G A H Q G D G A R D

C	A	I	I	N	P	T	T	V	L	M	S	A	T	V	L	A	T
TGT	CCG	CTA	CTA	CAA	GCC	ACA	GCA	GTG	GTC	GTA	CGA	CCG	GCA	GTG	GTC	GCG	CCA
	35379			35388				35397			35406			35415			35424
ACA	GGC	GAT	GAT	GTT	CGG	TGT	CGT	CAC	CAG	CAT	GCT	GGC	CGT	CAC	CAG	CGC	GGT
T	G	D	D	V	R	C	R	H	Q	H	A	G	R	H	Q	R	G
Q	A	M	M	F	G	V	V	T	S	M	L	A	V	T	S	A	V
R	R	*	C	S	V	S	S	P	A	C	W	P	S	P	A	R	S
G	P	R	S	R	G	T	G	S	S	A	S	P	A	T	P	R	R
G	P	A	H	G	V	P	E	A	R	H	R	H	R	L	R	A	D
E	R	P	T	V	S	R	N	R	E	I	G	I	A	C	D	P	T
GAG	GGC	CCC	GCA	CTG	GCT	GGC	CAA	GGC	GAG	CTA	CGG	CTA	CCG	CGT	CAG	CCC	GCA
	35433			35442				35451			35460			35469			35478
CTC	CCG	GGG	CGT	GAC	CGA	CCG	GTT	CCG	CTC	GAT	GCC	GAT	GGC	GCA	GTC	GGG	CGT
L	P	G	R	D	R	P	V	P	L	D	A	D	G	A	V	G	R
S	R	G	V	T	D	R	F	R	S	M	P	M	A	Q	S	G	V
P	G	A	*	P	T	G	S	A	R	C	R	W	R	S	R	A	S
A	P	G	C	S	R	R	C	T	*	S	A	S	R	A	*	S	G
R	Q	A	A	A	E	G	V	H	E	A	R	Q	D	L	E	R	D
A	S	P	R	L	K	A	S	M	N	L	E	S	I	S	S	V	I
GCG	CGA	CCC	GGC	GTC	GAA	GCG	GCT	GTA	CAA	GTC	GAG	CGA	CTA	GCT	CGA	GTG	CTA
	35487			35496				35505			35514			35523			35532
CGC	GCT	GGG	CCG	CAG	CTT	CGC	CGA	CAT	GTT	CAG	CTC	GCT	GAT	CGA	GCT	CAC	GAT
R	A	G	P	Q	L	R	R	H	V	Q	L	A	D	R	A	H	D
A	L	G	R	S	F	A	D	M	F	S	S	L	I	E	L	T	I
R	W	A	A	A	S	P	T	C	S	A	R	*	S	S	S	R	S
G	R	S	R	V	A	P	R	S	A	S	A	R	P	G	R	C	P
E	E	A	A	S	Q	Q	D	A	P	A	P	V	L	A	G	A	L
R	R	P	Q	P	S	S	T	P	Q	R	Q	C	S	P	G	P	L
GGA	GGA	GCC	GAC	GCC	TGA	CGA	CCA	GCC	GAC	CGC	GAC	CGT	GCT	CCC	GGG	GCC	GTT
	35541			35550				35559			35568			35577			35586
CCT	CCT	CGG	CTG	CGG	ACT	GCT	GGT	CGG	CTG	GCG	CTG	GCA	CGA	GGG	CCC	CGG	CAA
P	P	R	L	R	T	A	G	R	L	A	L	A	R	G	P	R	Q
L	L	G	C	G	L	L	V	G	W	R	W	H	E	G	P	G	K
S	S	A	A	D	C	W	S	A	G	A	G	T	R	A	P	A	R
A	P	P	A	R	A	A	A	A	T	A	S	S	A	*	R	P	R
R	Q	R	R	E	P	Q	Q	Q	Q	P	A	V	R	E	D	P	D
A	S	A	A	S	P	S	S	S	S	H	R	*	E	S	M	Q	T
CCG	CGA	CCG	CCG	CGA	GCC	CGA	CGA	CGA	CGA	CAC	CGC	GAT	GAG	CGA	GTA	GAC	CCA
	35595			35604				35613			35622			35631			35640
GGC	GCT	GGC	GGC	GCT	CGG	GCT	GCT	GCT	GCT	GTG	GCG	CTA	CTC	GCT	CAT	CTG	GGT
G	A	G	G	A	R	A	A	A	A	V	A	L	L	A	H	L	G
A	L	A	A	L	G	L	L	L	L	W	R	Y	S	L	I	W	V
R	W	R	R	S	G	C	C	C	C	G	A	T	R	S	S	G	S

S R G P A A A A G P P R R P P T H A
P D V Q P Q Q Q G R L G G P R R I H
P I * R P S S S G G S A A P A A Y T

GCC CTA GAT GGA CCC CGA CGA CGA CGG GGG CCT CCG GCG GCC CCG CCG CAT ACA
35649 35658 35667 35676 35685 35694
CGG GAT CTA CCT GGG GCT GCT GCT GCC CCC GGA GGC CGC CGG GGC GGC GTA TGT

R D L P G A A A A P G G R R G G V C
G I Y L G L L L P P E A A G A A Y V
G S T W G C C C P R R P P G R R M C

A A A R S S A P S C R R R A P S S A
R Q Q G Q R H Q R V G E D R R L L H
G S S G K V I S A F V K T E G S F I

CGG CGA CGA CGG GAA CTG CTA CGA CCG CTT GTG GAA GCA GAG CGG CCT CTT CTA
35703 35712 35721 35730 35739 35748
GCC GCT GCT GCC CTT GAC GAT GCT GGC GAA CAC CTT CGT CTC GCC GGA GAA GAT

A A A A L D D A G E H L R L A G E D
P L L P L T M L A N T F V S P E K M
R C C P * R C W R T P S S R R R R C

R S A P C W R P T S G A T R W P T R
G A P Q A G D R L P V R Q G G R H G
G P Q S P V M A S H F G S D E V T D

CGG GCC GAC CGA CCC GTG GTA GCG CCT CAC CTT GGG CGA CAG GAG GTG CCA CAG
35757 35766 35775 35784 35793 35802
GCC CGG CTG GCT GGG CAC CAT CGC GGA GTG GAA CCC GCT GTC CTC CAC GGT GTC

A R L A G H H R G V E P A V L H G V
P G W L G T I A E W N P L S S T V S
P A G W A P S R S G T R C P P R C P

R G P A T R C D P R * P R S R P R R
G A P L Q E A I R A D R A A G P D G
A Q R S S N P L G P T V P P E Q T A

GCG GAC GGC CCT CGA CAA GCC GTT AGG CCC GCA GTG CCC GCC GAG GAC CCA GCG
35811 35820 35829 35838 35847 35856
CGC CTG CCG GGA GCT GTT CGG CAA TCC GGG CGT CAC GGG CGG CTC CTG GGT CGC

R L P G A V R Q S G R H G R L L G R
A C R E L F G N P G V T G G S W V A
P A G S C S A I R A S R A A P G S P

A R S R A P R R R A R V A A P A R R
L V R D L Q G D G P G Y Q Q Q H E E
S C A I S S A T A Q G T S S S T S K

GCT CGT GCG CTA GCT CGA CCG GCA GCG GAC CGG GCA TGA CGA CGA CCA CGA GAA
35865 35874 35883 35892 35901 35910
CGA GCA CGC GAT CGA GCT GGC CGT CGC CTG GCC CGT ACT GCT GCT GGT GCT CTT

R A R D R A G R R L A R T A A G A L
E H A I E L A V A W P V L L L V L F
S T R S S W P S P G P Y C C W C S S

A A T P A G S G S A * G I V V S S P
H R Q R H A A V P R E A S S W P L L
T G S D T R R * R V S L R H G R F F

GCA CGG CGA CAG CCA CGC GGC GAT GGC CTG CGA GTC GGC TAC TGG TGC CTT CTT
35919 35928 35937 35946 35955 35964
CGT GCC GCT GTC GGT GCG CCG CTA CCG GAC GCT CAG CCG ATG ACC ACG GAA GAA

R A A V G A P L P D A Q P (M) T T E E
V P L S V R R Y R T L S R * P R K K
C R C R C A A T G R S A D D H G R R

F G A I L A S G R A T R S * R V M R
S V P S S R R V A H R G A R G S W A
P F R R H A G F R T G D P E V P G H

CCC TTT GGC CGC TAC TCG CGG CTT GGC GCA CGG CAG GCC GAG ATG GCC TGG TAC
35973 35982 35991 36000 36009 36018
GGG AAA CCG GCG ATG AGC GCC GAA CCG CGT GCC GTC CGG CTC TAC CGG ACC ATG

G K P A M S A E P R A V R L Y R T M
G N R R * A P N R V P S G S T G P C
E T G D E R R T A C R P A L P D H A

R I L S N S S R Q R A I D S D P S I
G S * P I R L V S G P S T A T R P S
A Q D P F E F F A A Q R H R Q G P L

GCG GAC TAG TCC CTT AAG CTT CTT GCG ACG GAC CGC TAC AGC GAC AGG CCC CTC
36027 36036 36045 36054 36063 36072
CGC CTG ATC AGG GAA TTC GAA GAA CGC TGC CTG GCG ATG TCG CTG TCC GGG GAG

R L I R E F E E R C L A M S L S G E
A * S G N S K N A A W R C R C P G R
P D Q G I R R T L P G D V A V R G D

T P P M W G * M P W S A T A A P T Q
R R R C G G R C R G P P P P R R P R
D D A A D V G V D A L L R H G G P D

TAG CAG CCG CCG TAG GTG GGG ATG TAG CCG GTC CTC CGC CAC CGG CGG CCC CAG
36081 36090 36099 36108 36117 36126
ATC GTC GGC GGC ATC CAC CCC TAC ATC GGC CAG GAG GCG GTG GCC GCC GGG GTC

I V G G I H P Y I G Q E A V A A G V
S S A A S T P T S A R R R W P P G S
R R R H P P L H R P G G G G R R G L

A A S V S S S T T V L V W R P W P W
R P A * R R R R R * W C G D R G H G
A R R E G V V V D D G A G M A A M A

ACG CGC CGC GAG TGG CTG CTG CTG CAG CAG TGG TCG TGG GTA GCG CCG GTA CCG

36135: 36144 36153 36162 36171 36180
 TGC GCG GCG CTC ACC GAC GAC GAC GTC GTC ACC AGC ACC CAT CGC GGC CAT GGC

 C A A L T D D D V V T S T H R G H G
 A R R S P T T T S S P A P I A A M A
 R G A H R R R R R H Q H P S R P W P

 T R A L P A S G F R I S A S S H P V
 R G R W P L R G S A S A P R A T R C
 V D E G L S G V R L P H Q G L Q A A

 GTG CAG GAG CGG TTC CCT CGG CTG GGC TTC GCC TAC GAC CGG CTC GAC ACG CCG
 36189 36198 36207 36216 36225 36234
 CAC GTC CTC GCC AAG GGA GCC GAC CCG AAG CGG ATG CTG GCC GAG CTG TGC GGC

 H V L A K G A D P K R M L A E L C G
 T S S P R E P T R S G C W P S C A A
 R P R Q G S R P E A D A G R A V R H

 V A P R F R P R P P E I C A A S T L
 S R R G S G P G R R S S A R R R R *
 R G G A Q V P A A A A R H V G G V D

 TGC TGG CGG CCG GAC TTG GCC CCG GCG CCG CCG AGC TAC GTG CGG CGG CTG CAG
 36243 36252 36261 36270 36279 36288
 ACG ACC GCC GGC CTG AAC CGG GGC CGC GGC GGC TCG ATG CAC GCC GCC GAC GTC

 T T A G L N R G R G G S M H A A D V
 R P P A * T G A A A A R C T P P T S
 D R R P E P G P R R L D A R R R R Q

 R P T * P A L P M T P A P A G M A A
 G R R R H R W R C R P P P R G W R R
 A E A D I A G V A D H P R A G G D G

 TCG GAG CCG CAG ATA CCG CGG TTG CCG TAG CAC CCC CGC CCG CGG GGG TAG CGG
 36297 36306 36315 36324 36333 36342
 AGC CTC GGC GTC TAT GGC GCC AAC GGC ATC GTG GGG GCG GGC GCC CCC ATC GCC

 S L G V Y G A N G I V G A G A P I A
 A S A S M A P T A S W G R A P P S P
 P R R L W R Q R H R G G G R P H R R

 P A A Q D N W R R P S P R T A T A K
 R H P R T T G A A R H R G P P P P R
 G T R G P R E L P A T V A P H R H G

 CGG CCA CGC CGG ACC AGC AAG GTC GCC GCG CCA CTG CCG GCC CAC CGC CAC CGG
 36351 36360 36369 36378 36387 36396
 GCC GGT GCG GCC TGG TCG TTC CAG CGG CCG GGT GAC GGC CGG GTG GCG GTG GCC

 A G A A W S F Q R R G D G R V A V A
 P V R P G R S S G A V T A G W R W P
 R C G L V V P A A R * R P G G G G L

 K P S P A S L W P T T S S A N L R A
 R R R R H A * G P R P A P P T * G P

E	E	A	V	T	R	E	A	L	A	H	H	Q	L	R	E	V	Q
AAG	AAG	CCG	CTG	CCA	CGC	GAG	TCG	GTC	CCG	CAC	CAC	GAC	CTC	CGC	AAG	TTG	GAC
	36405				36414			36423		36432			36441			36450	
TTC	TTC	GGC	GAC	GGT	GCG	CTC	AGC	CAG	GGC	GTG	GTG	CTG	GAG	GCG	TTC	AAC	CTG
F	F	G	D	G	A	L	S	Q	G	V	V	L	E	A	F	N	L
S	S	A	T	V	R	S	A	R	A	W	C	W	R	R	S	T	W
L	R	R	R	C	A	Q	P	G	R	G	A	G	G	V	Q	P	G
A	R	H	R	S	G	T	T	N	T	Q	S	F	L	P	*	A	V
P	G	T	A	A	A	P	P	T	R	R	R	S	C	R	S	R	S
R	G	Q	P	P	Q	R	H	H	E	D	A	L	V	V	A	V	R
CGC	CGG	GAC	ACC	GCC	GAC	GGC	CAC	CAC	AAG	CAG	ACG	CTC	TTG	TTG	CCG	ATG	CGC
	36459				36468			36477		36486			36495			36504	
GCG	GCC	CTG	TGG	CGG	CTG	CCG	GTG	GTG	TTC	GTC	TGC	GAG	AAC	AAC	GGC	TAC	GCG
A	A	L	W	R	L	P	V	V	F	V	C	E	N	N	G	Y	A
R	P	C	G	G	C	R	W	C	S	S	A	R	T	T	A	T	R
G	P	V	A	A	A	G	G	V	R	L	R	E	Q	R	L	R	D
L	R	G	S	S	R	A	S	A	P	S	G	T	S	L	A	A	P
W	G	A	A	P	G	P	A	P	R	R	G	P	P	S	P	P	R
G	A	Q	R	Q	V	P	R	Q	G	A	V	R	H	L	P	R	G
TGG	TCG	GAC	GGC	GAC	CTG	GCC	CGC	GAC	CGG	CCG	CTG	GGC	CAC	CTC	TCC	CGC	CGG
	36513				36522			36531		36540			36549			36558	
ACC	AGC	CTG	CCG	CTG	GAC	CGG	GCG	CTG	GCC	GGC	GAC	CCG	GTG	GAG	AGG	GCG	GCC
T	S	L	P	L	D	R	A	L	A	G	D	P	V	E	R	A	A
P	A	C	R	W	T	G	R	W	P	A	T	R	W	R	G	R	P
Q	P	A	A	G	P	G	A	G	R	R	P	G	G	E	G	G	R
N	P	R	V	A	R	A	T	S	P	I	S	A	S	A	T	A	S
T	R	G	S	P	A	R	P	P	R	F	P	R	R	R	R	R	R
P	E	A	Q	R	R	A	R	H	V	S	H	V	G	V	G	D	G
CCC	AAG	CCG	GAC	TGC	CGC	GCG	CGC	CAC	CTG	CCT	TAC	CTG	CGG	CTG	CGG	CAG	CGG
	36567				36576			36585		36594			36603			36612	
GGG	TTC	GGC	CTG	ACG	GCG	CGC	GCG	GTG	GAC	GGA	ATG	GAC	GCC	GAC	GCC	GTC	GCC
G	F	G	L	T	A	R	A	V	D	G	M	D	A	D	A	V	A
G	S	A	*	R	R	A	R	W	T	E	W	T	P	T	P	S	P
V	R	P	D	G	A	R	G	G	R	N	G	R	R	R	R	R	R
A	A	A	S	A	T	S	R	Q	R	R	P	P	P	G	V	K	R
R	P	R	R	P	R	R	V	S	G	G	P	R	R	D	W	R	G
V	R	G	G	L	G	D	F	A	A	A	P	A	A	T	G	G	E
CTG	CGC	CGG	CGG	CTC	CGG	CAG	CTT	GCG	ACG	GCG	GCC	CCG	CCG	CCA	GGG	TGG	AAG
	36621				36630			36639		36648			36657			36666	
GAC	GCG	GCC	GCC	GAG	GCC	GTC	GAA	CGC	TGC	CGC	CGG	GGC	GGC	GGT	CCC	ACC	TTC
D	A	A	A	E	A	V	E	R	C	R	R	G	G	G	P	T	F
T	R	P	P	R	P	S	N	A	A	A	G	A	A	V	P	P	S
R	G	R	R	G	R	R	T	L	P	P	G	R	R	S	H	L	P

S Q R V * R N L P W W E K S S C T P
 P S G C R G T * R G G S R R P A P P
 Q V A A G V P E V A V V G E L L L H

 GAC CTG ACG GCG TGG ATG GCC AAG TTG CCG GTG GTG AGG AAG CTC CTC GTC CAC
 36675 36684 36693 36702 36711 36720
 CTG GAC TGC CGC ACC TAC CGG TTC AAC GGC CAC CAC TCC TTC GAG GAG CAG GTG

 L D C R T Y R F N G H H S F E E Q V
 W T A A P T G S T A T T P S R S R W
 G L P H L P V Q R P P L L R G A G G

 S F * R S S A S T P S H R A R S G S
 A S S G P R R R P R R T A H A H G A
 P Q V V P V V G L D A L P T R T V R

 CCC GAC TTG ATG GCC CTG CTG CGG CTC CAG CCG CTC ACC GCA CGC GCA CTG GGC
 36729 36738 36747 36756 36765 36774
 GGG CTG AAC TAC CGG GAC GAC GCC GAG GTC GGC GAG TGG CGT GCG CGT GAC CCG

 G L N Y R D D A E V G E W R A R D P
 G * T T G T T P R S A S G V R V T R
 A E L P G R R R G R R V A C A * P A

 R V W L V R T S P A V A P A M S A S
 A C G S C G R P R H S P R R W R R R
 Q A G L A G A H V T R R G A G D V G

 GAC GCG TGG GTC TCG TGG GCG CAC CTG CCA CGC TGC CGG CCG CGG TAG CTG CGG
 36783 36792 36801 36810 36819 36828
 CTG CGC ACC CAG AGC ACC CGC GTG GAC GGT GCG ACG GCC GGC GCC ATC GAC GCC

 L R T Q S T R V D G A T A G A I D A
 C A P R A P A W T V R R P A P S T P
 A H P E H P R G R C D G R R H R R R

 V L V S I S S A T S N A R A P R A G
 S W C A S R R P R P T R G R P G P G
 L G A R Q D V L G H L E G A R A P G

 CTC TGG TCG TGC GAC TAG CTG CTC CGG CAC CTC AAG CGG GCG CGC CCG GCC CGG
 36837 36846 36855 36864 36873 36882
 GAG ACC AGC ACG CTG ATC GAC GAG GCC GTG GAG TTC GCC CGC GCG GGC CGG GCC

 E T S T L I D E A V E F A R A G R A
 R P A R * S T R P W S S P A R A G P
 D Q H A D R R G R G V R P R G P G P

 S G A S A S C W R * A S P V V G R G
 R G R R P A A G G K H R R C S G V A
 G V G G L R Q V V K I G V A R G W P

 GGG CTG GGG CGG CTC CGC GAC GTG GTG GAA ATA CGG CTG CCG TGC TGG GGT GCC
 36891 36900 36909 36918 36927 36936
 CCC GAC CCC GCC GAG GCG CTG CAC CAC CTT TAT GCC GAC GGC ACG ACC CCA CGG

P D P A E A L H H L Y A D G T T P R
P T P P R R C T T F M P T A R P H G
R P R R G A A P P L C R R H D P T A

P T I I Q H S C K R V D G R Q V L R
R L S S R I A A S A Y M V A S F W A
G S H H D S P Q V Q T C * R A S G P

GGG CCT CAC TAC TAG ACT ACC GAC GTG AAC GCA TGT AGT GGC GCG ACT TGG TCC
36945 36954 36963 36972 36981 36990
CCC GGA GTG ATG ATC TGA TGG CTG CAC TTG CGT ACA TCA CCG CGC TGA ACC AGG

P G V M I * W L H L R T S P R * T R
P E * * S D G C T C V H H R A E P G
R S D D L (M) A A L A Y I T A L N Q A B.

Q V V L H R A V V A D A D E A L V H
S C S S I A R S S R T Q T K P S S T
A A R R S P A R R G R R R R R P R

GCG ACG TGC TGC TCT ACC GCG CGC TGC TGG CGC AGA CGC AGA AGC CGC TCC TGC
36999 37008 37017 37026 37035 37044
CGC TGC ACG ACG AGA TGG CGC GCG ACG ACC GCG TCT GCG TCT TCG GCG AGG ACG

R C T T R W R A T T A S A S S A R T
A A R R D G A R R P R L R L R R G R
L H D E M A R D D R V C V F G E D V

P D A E G L D G L A Q V L A E A V S
R I P R V W T A L P R C S R K P S P
A S R G * G P R W P G A R A S R R R

ACG CCT AGC CGG AGT GGG TCC AGC GGT TCC CGG ACG TGC TCG CGA AGC CGC TGC
37053 37062 37071 37080 37089 37098
TGC GGA TCG GCC TCA CCC AGG TCG CCA AGG GCC TGC ACG AGC GCT TCG GCG ACG

C G S A S P R S P R A C T S A S A T
A D R P H P G R Q G P A R A L R R R
R I G L T Q V A K G L H E R F G D G

A D D V G G Q R L L G E G A Q G G A
R T T S V G R D S C A K V L R A V P
V R R R C G G T P A P R * W G P W R

CTG CGC AGC AGC TGT GGG GGG ACA GCC TCG TCC GGA AGT GGT CGG ACC GGT GGC
37107 37116 37125 37134 37143 37152
GAC GCG TCG TCG ACA CCC CCC TGT CGG AGC AGG CCT TCA CCA GCC TGG CCA CCG

D A S S T P P C R S R P S P A W P P
T R R R H P P V G A G L H Q P G H R
R V V D T P L S E Q A F T S L A T G

R R H R P L S R D H L V L D G R Q E
A A I A P C R G T T S Y W I G E S S
R P S P P A A V P R P T G S G R A A

CGC GCC GCT ACC GCC CCG TCG CTG GCC AGC ACC TCA TGG TCT AGG GGA GCG ACG

37161			37170			37179			37188			37197			37206		
GCG	CGG	CGA	TGG	CGG	GGC	AGC	GAC	CGG	TCG	TGG	AGT	ACC	AGA	TCC	CCT	CGC	TGC

A	R	R	W	R	G	S	D	R	S	W	S	T	R	S	P	R	C
R	G	D	G	G	A	A	T	G	R	G	V	P	D	P	L	A	A
A	A	M	A	G	Q	R	P	V	V	E	Y	Q	I	P	S	L	L

I	Q	H	E	L	L	D	G	V	L	R	V	L	E	R	Q	H	G
*	R	T	N	S	C	I	A	L	W	A	C	L	N	E	S	I	V
R	D	P	T	R	A	S	R	W	G	P	A	C	T	R	A	S	S

AGA	TAG	ACC	ACA	AGC	TCG	TCT	AGC	GGT	TGG	TCC	GCG	TGT	TCA	AGA	GCG	ACT	ACT
37215			37224			37233			37242			37251			37260		
TCT	ATC	TGG	TGT	TCG	AGC	AGA	TCG	CCA	ACC	AGG	CGC	ACA	AGT	TCT	CGC	TGA	TGA

S	I	W	C	S	S	R	S	P	T	R	R	T	S	S	R	*	*
L	S	G	V	R	A	D	R	Q	P	G	A	Q	V	L	A	D	D
Y	L	V	F	E	Q	I	A	N	Q	A	H	K	F	S	L	M	T

T	P	L	H	L	D	R	D	G	I	Q	H	R	A	G	T	R	A
P	P	C	T	S	T	G	T	V	*	R	T	G	P	E	P	E	R
R	H	A	P	P	P	G	P	*	R	D	P	A	P	S	R	N	A

GGC	CAC	CCG	TCC	ACC	TCC	AGG	GCC	AGT	GGA	TAG	ACC	ACG	GCC	CGA	GGC	CAA	GCG
37269			37278			37287			37296			37305			37314		
CCG	GTG	GGC	AGG	TGG	AGG	TCC	CGG	TCA	CCT	ATC	TGG	TGC	CGG	GCT	CCG	GTT	CGC

P	V	G	R	W	R	S	R	S	P	I	W	C	R	A	P	V	R
R	W	A	G	G	G	P	G	H	L	S	G	A	G	L	R	F	A
G	G	Q	V	E	V	P	V	T	Y	L	V	P	G	S	G	S	R

R	A	H	G	A	L	V	G	V	M	G	V	A	Q	E	C	V	D
E	P	M	A	P	W	C	E	S	W	G	*	L	R	N	A	C	T
S	P	C	P	R	G	A	S	R	G	D	R	C	G	T	R	V	R

CGA	GCC	CGT	ACC	GGC	CGG	TCG	TGA	GGC	TGG	TAG	GGA	TGT	CGG	ACA	AGC	GTG	TGC
37323			37332			37341			37350			37359			37368		
GCT	CGG	GCA	TGG	CCG	GCC	AGC	ACT	CCG	ACC	ATC	CCT	ACA	GCC	TGT	TCG	CAC	ACG

A	R	A	W	P	A	S	T	P	T	I	P	T	A	C	S	H	T
L	G	H	G	R	P	A	L	R	P	S	L	Q	P	V	R	T	R
S	G	M	A	G	Q	H	S	D	H	P	Y	S	L	F	A	H	V

A	D	L	R	D	Q	G	G	G	G	R	V	G	V	A	Q	Q	E
P	M	L	V	T	R	G	A	V	A	E	S	A	*	P	R	S	S
R	C	*	S	P	G	A	R	W	R	R	P	R	R	R	G	A	A

AGC	CGT	AGT	TCT	GCC	AGG	ACG	GGC	GGT	GGC	GGA	GCC	TGC	GGA	TGC	CGG	ACG	ACG
37377			37386			37395			37404			37413			37422		
TCG	GCA	TCA	AGA	CGG	TCC	TGC	CCG	CCA	CCG	CCT	CGG	ACG	CCT	ACG	GCC	TGC	TGC

S	A	S	R	R	S	C	P	P	P	P	R	T	P	T	A	C	C
R	H	Q	D	G	P	A	R	H	R	L	G	R	L	R	P	A	A
G	I	K	T	V	L	P	A	T	A	S	D	A	Y	G	L	L	L

R	R	D	T	V	R	V	R	H	G	D	E	R	R	A	R	Q	H
E	A	T	R	S	G	S	G	T	A	T	K	A	G	L	A	S	I

R	P	P	G	H	G	P	G	P	P	R	R	R	A	S	R	A	S
AGA	GCC	GCC	AGG	CAC	TGG	GCC	TGG	GCC	ACC	GGC	AGA	AGC	GCG	GCT	CGC	GCG	ACT
	37431			37440			37449			37458			37467			37476	
TCT	CGG	CGG	TCC	GTG	ACC	CGG	ACC	CGG	TGG	CCG	TCT	TCG	CGC	CGA	GCG	CGC	TGA
S	R	R	S	V	T	R	T	R	W	P	S	S	R	R	A	R	*
L	G	G	P	*	P	G	P	G	G	R	L	R	A	E	R	A	D
S	A	V	R	D	P	D	P	V	A	V	F	A	P	S	A	L	M
A	R	D	L	L	D	G	A	L	E	A	R	H	R	E	P	R	G
P	V	T	S	S	T	E	P	S	S	P	G	T	G	S	P	D	A
P	C	P	R	P	P	R	R	R	A	R	G	P	A	A	R	T	P
ACC	CGT	GCC	AGC	TCC	TCC	AGA	GGC	CGC	TCG	AGC	CGG	GCC	ACG	GCG	AGC	CCA	GCC
	37485			37494			37503			37512			37521			37530	
TGG	GCA	CGG	TCG	AGG	AGG	TCT	CCG	GCG	AGC	TCG	GCC	CGG	TGC	CGC	TCG	GGT	CGG
W	A	R	S	R	R	S	P	A	S	S	A	R	C	R	S	G	R
G	H	G	R	G	G	L	R	R	A	R	P	G	A	A	R	V	G
G	T	V	E	E	V	S	G	E	L	G	P	V	P	L	G	S	A
P	D	V	A	R	A	L	V	D	G	D	D	G	G	A	L	A	H
R	I	W	R	V	P	S	S	T	V	T	T	A	V	P	W	H	T
G	S	G	G	C	P	R	P	R	*	R	R	R	W	R	G	T	R
GGG	CCT	AGG	TGG	CGT	GCC	CGC	TCC	TGC	AGT	GGC	AGC	AGC	GGT	GGC	CGG	TCA	CGC
	37539			37548			37557			37566			37575			37584	
CCC	GGA	TCC	ACC	GCA	CGG	GCG	AGG	ACG	TCA	CCG	TCG	TCG	CCA	CCG	GCC	AGT	GCG
P	G	S	T	A	R	A	R	T	S	P	S	S	P	P	A	S	A
P	D	P	P	H	G	R	G	R	H	R	R	R	H	R	P	V	R
R	I	H	R	T	G	E	D	V	T	V	V	A	T	G	Q	C	V
M	D	G	Q	G	D	R	L	G	H	R	V	L	R	R	D	L	H
C	T	A	R	A	T	A	S	A	M	A	S	S	A	D	I	S	T
A	H	R	G	P	R	R	P	P	W	P	P	R	P	T	S	R	P
ACG	TAC	AGC	GGG	ACC	GGC	AGC	GCC	TCC	GGT	ACC	GCC	TGC	TCC	GCA	GCT	AGC	TCC
	37593			37602			37611			37620			37629			37638	
TGC	ATG	TCG	CCC	TGG	CCG	TCG	CGG	AGG	CCA	TGG	CGG	ACG	AGG	CGT	CGA	TCG	AGG
C	M	S	P	W	P	S	R	R	P	W	R	T	R	R	R	S	R
A	C	R	P	G	R	R	G	G	H	G	G	R	G	V	D	R	G
H	V	A	L	A	V	A	E	A	M	A	D	E	A	S	I	E	V
H	I	R	A	R	D	V	R	H	V	P	L	R	D	P	R	R	R
T	S	G	R	V	I	*	G	T	S	Q	S	V	I	R	A	D	A
P	P	D	A	C	S	R	G	P	P	S	P	S	S	G	P	T	P
ACC	ACC	TAG	GCG	CGT	GCT	AGA	TGG	GCC	ACC	TGA	CCC	TCT	GCT	AGG	CCC	GCA	GCC
	37647			37656			37665			37674			37683			37692	
TGG	TGG	ATC	CGC	GCA	CGA	TCT	ACC	CGG	TGG	ACT	GGG	AGA	CGA	TCC	GGG	CGT	CGG
W	W	I	R	A	R	S	T	R	W	T	G	R	R	S	G	R	R
G	G	S	A	H	D	L	P	G	G	L	G	D	D	P	G	V	G
V	D	P	R	T	I	Y	P	V	D	W	E	T	I	R	A	S	A

L L G S P Q D D I V G V P H A P E
 S F V P R S T T M S S A L R I H P N
 P S S R V A P R * R H R W G S T R T

 GCC TCT TCT GGC CTG CCG ACC AGC AGT AGC TAC TGC GGT TGG CCT ACA CGC CCA
 37701 37710 37719 37728 37737 37746
 CGG AGA AGA CCG GAC GGC TGG TCG TCA TCG ATG ACG CCA ACC GGA TGT GCG GGT

 R R R P D G W S S S M T P T G C A G
 G E D R T A G R H R * R Q P D V R V
 E K T G R L V V I D D A N R M C G F

 A A L H Q G G R R L L E I Q R G P G
 P P S T S A V A A S C N S R V A R G
 R R R P A P W R P P A T R D S P G A

 AGC CGC CGC TCC ACG ACC GGT GGC GCC GCC TCG TCA AGC TAG ACT GCC GGG CCG
 37755 37764 37773 37782 37791 37800
 TCG GCG GCG AGG TGC TGG CCA CCG CGG CGG AGC AGT TCG ATC TGA CGG CCC GGC

 S A A R C W P P R R S S S I * R P G
 R R R G A G H R G G A V R S D G P A
 G G E V L A T A A E Q F D L T A R P

 P P H G P R V A R D D G V R E H E V
 R R T V R G S P A T M G * A S T S S
 G A P S G A P R R P * G R R A R A R

 GGG CCG CCC ACT GGG CCG GCC TGC CGC GCC AGT AGG GGA TGC GCG AGC ACG AGC
 37809 37818 37827 37836 37845 37854
 CCC GGC GGG TGA CCC GGC CGG ACG GCG CGG TCA TCC CCT ACG CGC TCG TGC TCG

 P G G * P G R T A R S S P T R S C S
 P A G D P A G R R G H P L R A R A R
 R R V T R P D G A V I P Y A L V L D

 L R Q Q R V R G L Q G V R D T G D Q
 W A N S G S A A W S V S A I R A T R
 G P T A A P R P G A S R R S G H R G

 TGG TCC GCA ACG ACG GCC TGC GCC GGG TCG ACT GGC TGC GCT AGG CAC GGC AGG
 37863 37872 37881 37890 37899 37908
 ACC AGG CGT TGC TGC CGG ACG CGG CCC AGC TGA CCG ACG CGA TCC GTG CCG TCC

 T R R C C R T R P S * P T R S V P S
 P G V A A G R G P A D R R D P C R P
 Q A L L P D A A Q L T D A I R A V L

 L S A A R R P G S E F P L S S S N R
 F H R P V V L G Q S S R S L L H I G
 S T V R C S S A R V R V P S F I F E

 ACT TCA CTG CGC CGT GCT GCT CCG GGA CTG AGC TTG CCC TCT CTT CTA CTT AAG
 37917 37926 37935 37944 37953 37962
 TGA AGT GAC GCG GCA CGA CGA GGC CCT GAC TCG AAC GGG AGA GAA GAT GAA TTC

67

* S D A A R R G P D S N G R E D E F
 E V T R H D E A L T R T G E K (M) N S
 K * R G T T R P * L E R E R R * I P

A D A A P R S S * R R S W R A T S A
 L T P R P D H R D G D P G V L Q A P
 S R R G R T T V I V T P V L S S H Q

GCT CGC AGC CGG CGC CCA GCA CTG CTA GTG GCA GCC CTG GTT GCT CGA CAC GAC
 37971 37980 37989 37998 38007 38016
 CGA GCG TCG GCC GCG GGT CGT GAC GAT CAC CGT CGG GAC CAA CGA GCT GTG CTG

R A S A A G R D D H R R D Q R A V L
 E R R P R V V T I T V G T N E L C W
 S V G R G S * R S P S G P T S C A G

P G T D R S R A P C R C W R S R G P
 Q V P T E A G Q Q V A V G G A E V Q
 S S R H R P E K S S L S V V P K S R

CGA CCT GGC CAC AGA GCC GAG GAA CGA CCT GTC GCT GTG GTG GCC GAA GCT GGA
 38025 38034 38043 38052 38061 38070
 GCT GGA CCG GTG TCT CGG CTC CTT GCT GGA CAG CGA CAC CAC CGG CTT CGA CCT

A G P V S R L L A G Q R H H R L R P
 L D R C L G S L L D S D T T G F D L
 W T G V S A P C W T A T P P A S T W

P R S R R C R S P P R C H R A H A R
 L D A V D V V V R R V A T D L M H A
 S T Q * T S L S E A S P L T S C T R

CCT CCA GAC GAT GCA GCT GTT GCT GAG CCG CCT GCC GTC ACA GCT CGT ACA CGC
 38079 38088 38097 38106 38115 38124
 GGA GGT CTG CTA CGT CGA CAA CGA CTC GGC GGA CGG CAG TGT CGA GCA TGT GCG

G G L L R R Q R L G G R Q C R A C A
 E V C Y V D N D S A D G S V E H V R
 R S A T S T T T R R T A V S S M C A

S R A R P S S * G C R G C D P S R R
 R G P G R H R D D A V V A I Q A E G
 A V Q G A T V I M R L S R L R P K A

GCG CTG GAC CGG GCG CCA CTG CTA GTA GGC GTT GCT GGC GTT AGA CCC GAA GCG
 38133 38142 38151 38160 38169 38178
 CGC GAC CTG GCC CGC GGT GAC GAT CAT CCG CAA CGA CCG CAA TCT GGG CTT CGC

R D L A R G D D H P Q R P Q S G L R
 A T W P A V T I I R N D R N L G F A
 R P G P R * R S S A T T A I W A S P

P S C R R C G G R G P T R R P S R T
 P R V V D A D A A G Q L G A R V V H
 P A F L T P M R R A R S D P A S * T

GCC CCG CTT GTT GCA GCC GTA GGC GGC GCG GGA CCT CAG GCC GCG CCT GAT GCA

38187	38196	38205	38214	38223	38232
CGG GGC GAA CAA	CGT CGG CAT CCG	CCG CCG CGC CCT	GGA GTC CGG	CGC GGA CTA	CGT
R G E Q R R H P P R P G V R R G L R	G A N N V G I R R A L E S G A D Y V	G R T T S A S A A P W S P A R T T C	G R * G R C R S A A R G P A R V * R	E E D V G V G P R R G V Q H A S E G	N R T L G S V Q V G G S R T R P S V
CAA GGA GCA GTT GGG GCT GTG GAC CTG CGG CGG GCT GGA CCA CGC GCC TGA GTG	38241 38250 38259 38268 38277 38286	GTT CCT CGT CAA CCC CGA CAC CTG GAC GCC GCC CGA CCT GGT GCG CGG ACT CAC	V P R Q P R H L D A A R P G A R T H	F L V N P D T W T P P D L V R G L T	S S S T P T P G R R P T W C A D S P
V P R P I A P T R C R R G A A T G S	F Q G L F P R L V A D D A R Q L V A	S S A S S H G S Y P M T P G S C Y R	GCT TGA CCG GCT CCT TAC CGG CCT CAT GCC GTA GCA GCC GGG CGA CGT CAT GGC	38295 38304 38313 38322 38331 38340	CGA ACT GGC CGA GGA ATG GCC GGA GTA CGG CAT CGT CGG CCC GCT GCA GTA CCG
R T G R G M A G V R H R R P A A V P	E L A E E W P E Y G I V G P L Q Y R	N W P R N G R S T A S S A R C S T A	R G R S W P A R R T * R T S A C P G	V V G V G R R E V L E V L P R V R G	* S G S E V A S S S N L S H V C V A
GAT GCT GGG GCT GAG GTG CCG CGA GCT GCT CAA GTT GCT CAC CTG CGT GTG CCG	38349 38358 38367 38376 38385 38394	CTA CGA CCC CGA CTC CAC GGC GCT CGA CGA GTT CAA CGA GTG GAC GCA CAC GGC	L R P R L H G A R R V Q R V D A H G	Y D P D S T A L D E F N E W T H T A	T T P T P R R S T S S T S G R T R P
T A P R A A R R R R R S R G D R G	Q P Q A L L V G E G A V P D G M G G	R H S P S C C A K A P S P I A W G E	GGA CAC CGA CCC GCT CGT CGT GCG GAA GCG GCC GCT GCC CTA GCG GGT AGG GAG	38403 38412 38421 38430 38439 38448	CCT GTG GCT GGG CGA GCA GCA CGC CTT CGC CGG CGA CGG GAT CGC CCA TCC CTC
P V A G R A A R L R R R R D R P S L	L W L G E Q H A F A G D G I A H P S	C G W A S S T P S P A T G S P I P P	P P A A S P A P G V S A P A R R H A	R R P Q R L P P G W P R Q L V G I H	

G A P S G F P R A G R V S S C A * T

 GGG CCG CCC CGA CGG CTT CCC CGC CCG GGG TGC CTG CGA CCT CGT GCG GAT ACA
 38457 38466 38475 38484 38493 38502
 CCC GGC GGG GCT GCC GAA GGG GCG GGC CCC ACG GAC GCT GGA GCA CGC CTA TGT

 P G G A A E G A G P T D A G A R L C
 P A G L P K G R A P R T L E H A Y V
 R R G C R R G G P H G R W S T P M C

 P N P A R R G S R S A A R S R A A R
 L T R R E E G P G R H Q A L D P Q E
 C P E A S K A R V A I S R S I P S S

 CGT CCC AAG CCG CGA GAA GCG GGC CTG GCG CTA CGA CGC GCT CTA GCC CGA CGA
 38511 38520 38529 38538 38547 38556
 GCA GGG TTC GGC GCT CTT CGC CCG GAC CGC GAT GCT GCG CGA GAT CGG GCT GCT

 A G F G A L R P D R D A A R D R A A
 Q G S A L F A R T A M L R E I G L L
 R V R R S S P G P R C C A R S G C S

 R P A A C R S R P S R G T G G P G S
 V L H Q V G V V L L G V Q A A P G A
 S S T S C V * * S S V S R H R R A R

 GCT GCT CCA CGA CGT GTG GAT GAT GCT CCT CTG GCT GGA CAC GGC GGC CCG GGC
 38565 38574 38583 38592 38601 38610
 CGA CGA GGT GCT GCA CAC CTA CTA CGA GGA GAC CGA CCT GTG CCG CCG GGC CCG

 R R G A A H L L R G D R P V P P G P
 D E V L H T Y Y E E T D L C R R A R
 T R C C T P T T R R P T C A A G P A

 P P S A P P G A G P G P C G A G P R
 P R A P P H G Q V Q V Q A D L V P A
 Q A P Q R T A R C R S R P M W C R P

 GAC CCG CCC GAC CGC CCA CCG GGA CGT GGA CCT GGA CCC GTA GGT CGT GGC CCC
 38619 38628 38637 38646 38655 38664
 CTG GGC GGG CTG GCG GGT GGC CCT GCA CCT GGA CCT GGG CAT CCA GCA CCG GGG

 L G G L A G G P A P G P G H P A P G
 W A G W R V A L H L D L G I Q H R G
 G R A G G W P C T W T W A S S T G A

 R R P S R P W C T C G P G C A A C G
 A A P R G H G A R V A P D V H P A V
 P P P A V T A L V Y L R T W M R R L

 GCC GCC GCC CCG CTG GCA CCG GTC GTG CAT GTC GGC CCA GGT GTA CGC CGC GTT
 38673 38682 38691 38700 38709 38718
 CGG CGG CGG GGC GAC CGT GGC CAG CAC GTA CAG CCG GGT CCA CAT GCG GCG CAA

 R R R G D R G Q H V Q P G P H A A Q
 G G G A T V A S T Y S R V H M R R N
 A A G R P W P A R T A G S T C G A T

S S S G R * R R R S A G P S P R G A
 A V V V E E G V D V P V R R L G G P
 R * * * R K V S T S Q C G A F A A R

 GGC GAT GAT GAT GGA GAA GTG GCT GCA GCT GAC CGT GGG CCG CTT CCG GCG GGC
 38727 38736 38745 38754 38763 38772
 CCG CTA CTA CTA CCT CTT CAC CGA CGT CGA CTG GCA CCC GGC GAA GGC CGC CCG

 P L L L P L H R R R L A P G E G R P
 R Y Y Y L F T D V D W H P A K A A R
 A T T T S S P T S T G T R R R P P G

 R R A S A R P P G * P G C R R R G R
 E G P A P E H R V E H A A A D D A A
 S A P R Q S T A S R M P R L T T P R

 CGA GCG GCC CGC GAC CGA GCA CCG CCT GGA GTA CCC GGC GTC GCA GCA GCC GGC
 38781 38790 38799 38808 38817 38826
 GCT CGC CGG GCG CTG GCT CGT GGC GGA CCT CAT GGG CCG CAG CGT CGT CGG CCG

 A R R A L A R G G P H G P Q R R R P
 L A G R W L V A D L M G R S V V G R
 S P G A G S W R T S W A A A S S A A

 G P R S R L A P S W R P A A S A R R
 D R G R G S R P L G D L R Q A P E G
 T G A A V P A R S V M S A S R Q S A

 GCA GGC CCG GCG CTG GCC TCG CGC CCT CTG GTA GCT CCG CGA CGC GAC CGA GCG
 38835 38844 38853 38862 38871 38880
 CGT CCC GGC CGC GAC CGG AGC GCG GGA GAC CAT CGA GGC GCT GCG CTG GCT CGC

 R P G R D R S A G D H R G A A L A R
 V P A A T G A R E T I E A L R W L A
 S R P R P E R G R P S R R C A G S P

 G P A S W A T G G G P G G R A A R E
 V P H R G H P G A A P V V A R Q A S
 S R T G V M R D R R R S W R A S R A

 GCT GGC CCA CGG CTG GTA CGC CAG GGC GGC GGC CCT GGT GGC GCG CGA CGC GCG
 38889 38898 38907 38916 38925 38934
 CGA CCG GGT GCC GAC CAT GCG GTC CCG CCG CCG GGA CCA CCG CGC GCT GCG CGC

 R P G A D H A V P P P G P P R A A R
 D R V P T M R S R R R D H R A L R A
 T G C R P C G P A A G T T A R C A L

 R R A R R P S P P T R I L G N F T A
 A A P A A R R L P R G S S A T S P P
 R P P R P A A F P A D Q H P R Q L H

 AGC GCC GCC CGC GCC GCG CCG CTT CCC CCG CAG GAC TAC TCC GGC AAC TTC CAC
 38943 38952 38961 38970 38979 38988
 TCG CGG CGG GCG CGG CGC GGC GAA GGG GGC GTC CTG ATG AGG CCG TTG AAG GTG

S R R A R R G E G G V L (M) R P L K V GT3
 R G G R G A A K G A S * * G R * R W
 A A G A A R R R G R P D E A V E G G
 S T L M G S R T G P L S A Q I E T G
 A P * C G A A P G P S R H R S R R V
 R Q D V D R Q P D R P A I G P D G Y

 CGC GAC CAG TTG TAG GGC GAC GCC CAG GGC CCC TCG CTA CGG ACC TAG AGG CAT
 38997 39006 39015 39024 39033 39042
 GCG CTG GTC AAC ATC CCG CTG CGG GTC CCG GGG AGC GAT GCC TGG ATC TCC GTA

 A L V N I P L R V P G S D A W I S V
 R W S T S R C G S R G A M P G S P Y
 A G Q H P A A G P G E R C L D L R T
 G C P Y P P M W H T T A L R I S P S
 G V P I R R C G T P R R W G S P R A
 G W L S V A A D L P D D G V Q H V P

 GGG GGT GTC CCT ATG CCG CCG TAG GTC ACC CAG CAG CGG TTG GAC TAC CTG CCC
 39051 39060 39069 39078 39087 39096
 CCC CCA CAG GGA TAC GGC GGC ATC CAG TGG GTC GTC GCC AAC CTG ATG GAC GGG

 P P Q G Y G G I Q W V V A N L M D G
 P H R D T A A S S G S S P T * W T G
 P T G I R R H P V G R R Q P D G R A
 S S S P W S T K R S P A G P L G A P
 A P V R G R P R G A P H G P C G P R
 Q Q F E A V L D E Q Q T G R A A R G

 GAC GAC CTT GAG CCG GTG CTC CAG AAG GAC GAC CCA CGG GGC CCG TCG GGC CGG
 39105 39114 39123 39132 39141 39150
 CTG CTG GAA CTC GGC CAC GAG GTC TTC CTG CTG GGT GCC CCG GGC AGC CCG GCC

 L L E L G H E V F L L G A P G S P A
 C W N S A T R S S C W V P R A A R P
 A G T R P R G L P A G C P G Q P G R
 R G P S V T T G A P S G S S I S R H
 V G P A S R R A P P R A P P S R A T
 S A R P Q G D H R R A L R L L D L P

 CCT GCG GGC CCC GAC TGG CAG CAC GGC CGC CCG CTC GGC CTC CTC TAG CTC GCC
 39159 39168 39177 39186 39195 39204
 GGA CGC CCG GGG CTG ACC GTC GTG CCG GCG GGC GAG CCG GAG GAG ATC GAG CGG

 G R P G L T V V P A G E P E E I E R
 D A R G * P S C R R A S R R R S S G
 T P G A D R R A G G R A G G D R A V
 S R V A S T S T T W S W L P P T M P
 A A S R P R R R P G R G C R R H * R
 P Q P G R V D V H D V V V A A T D D

 ACC GAC GCC TGG CGC CTG CAG CTG CAC CAG GTG CTG GTG TCG CCG CCA CAG TAG

39213			39222			39231			39240			39249			39258		
TGG	CTG	CGG	ACC	GCG	GAC	GTC	GAC	GTG	GTC	CAC	GAC	CAC	AGC	GGC	GGT	GTC	ATC

W	L	R	T	A	D	V	D	V	V	H	D	H	S	G	G	V	I
G	C	G	P	R	T	S	T	W	S	T	T	T	A	A	V	S	S
A	A	D	R	G	R	R	R	G	P	R	P	Q	R	R	C	H	R

G	A	P	S	G	G	P	V	A	K	M	L	E	C	W	K	V	V
G	P	R	A	A	A	P	C	R	R	*	*	S	A	G	S	*	W
A	R	G	P	Q	R	R	A	G	G	E	D	A	R	V	V	E	G

CCG	GGC	CGG	CCC	GAC	GGC	GGC	CCG	TGG	CGG	AAG	TAG	TCG	AGC	GTG	GTG	AAG	TGG
39267			39276			39285			39294			39303			39312		
GGC	CCG	GCC	GGG	CTG	CCG	CCG	GGC	ACC	GCC	TTC	ATC	AGC	TCG	CAC	CAC	TTC	ACC

G	P	A	G	L	P	P	G	T	A	F	I	S	S	H	H	F	T
A	R	P	G	C	R	R	A	P	P	S	S	A	R	T	T	S	P
P	G	R	A	A	A	G	H	R	L	H	Q	L	A	P	L	H	H

R	G	T	L	G	T	P	Q	V	*	L	E	R	A	C	R	A	W
G	A	P	*	G	R	P	S	Y	R	C	N	G	P	A	A	R	G
G	P	R	D	V	G	H	A	T	G	V	T	G	P	R	L	A	G

TGG	GCC	GGC	CAG	TTG	GGG	CAC	CCG	ACA	TGG	ATG	TCA	AGG	GCC	CGC	GTC	GCG	CGG
39321			39330			39339			39348			39357			39366		
ACC	CGG	CCG	GTC	AAC	CCC	GTG	GGC	TGT	ACC	TAC	AGT	TCC	CGG	GCG	CAG	CGC	GCC

T	R	P	V	N	P	V	G	C	T	Y	S	S	R	A	Q	R	A
P	G	R	S	T	P	W	A	V	P	T	V	P	G	R	S	A	P
P	A	G	Q	P	R	G	L	Y	L	Q	F	P	G	A	A	R	P

Q	P	P	P	S	S	A	G	T	I	G	I	G	T	S	G	A	R
S	R	P	R	R	R	R	A	R	S	G	S	G	P	R	G	P	A
V	A	P	A	A	V	V	R	G	H	D	R	D	R	D	V	R	R

GTG	ACG	CCC	CCG	CCG	CTG	CTG	CGC	GGG	CAC	TAG	GGC	TAG	GGC	CAG	CTG	GGC	CGC
39375			39384			39393			39402			39411			39420		
CAC	TGC	GGG	GGC	GGC	GAC	GAC	GCG	CCC	GTG	ATC	CCG	ATC	CCG	GTC	GAC	CCG	GCG

H	C	G	G	G	D	D	A	P	V	I	P	I	P	V	D	P	A
T	A	G	A	A	T	T	R	P	*	S	R	S	R	S	T	R	R
L	R	G	R	R	R	R	A	R	D	P	D	P	G	R	P	G	A

*	R	D	A	A	S	W	T	A	L	S	S	K	R	S	K	M	P
S	G	T	R	R	P	G	P	P	W	P	P	S	G	A	R	*	P
A	V	P	G	G	R	V	L	H	G	L	L	V	E	Q	E	E	H

GCG	ATG	GCC	AGG	CGG	CGC	CTG	GTC	CAC	CGG	TTC	CTC	CTG	AAG	GAC	GAG	AAG	TAC
39429			39438			39447			39456			39465			39474		
CGC	TAC	CGG	TCC	GCC	GCG	GAC	CAG	GTG	GCC	AAG	GAG	GAC	TTC	CTG	CTC	TTC	ATG

R	Y	R	S	A	A	D	Q	V	A	K	E	D	F	L	L	F	M
A	T	G	P	P	R	T	R	W	P	R	R	T	S	C	S	S	W
L	P	V	R	R	G	P	G	G	Q	G	G	L	P	A	L	H	G

R	T	E	G	C	L	P	A	S	S	A	A	A	N	A	C	A	Q
A	P	R	A	A	C	P	P	A	P	P	P	R	T	R	A	R	R

P P D R R V L P R Q L R G R E R V G

CCC GCC CAG AGC GGC GTG TTC CCC CGC GAC CTC CGC CGG CGC AAG CGC GTG CGG
39483 39492 39501 39510 39519 39528
GGG CGG GTC TCG CCG CAC AAG GGG GCG CTG GAG GCG GCC GCG TTC GCG CAC GCC

G R V S P H K G A L E A A A F A H A
G G S R R T R G R W R R P R S R T P
A G L A A Q G G A G G G R V R A R L

P R R R T S A P G A Q S G S Y K S S
R G A G P A P R A R R P A P T S R R
A A P A Q H Q G P G G P L R L V E V

ACG CCG GCC GCG GAC CAC GAC CGG CCC GGG CGG ACC CTC GGC CTC ATG AAG CTG
39537 39546 39555 39564 39573 39582
TGC GGC CGG CGC CTG GTG CTG GCC GGG CCC GCC TGG GAG CCG GAG TAC TTC GAC

C G R R L V L A G P A W E P E Y F D
A A G A W C W P G P P G S R S T S T
R P A P G A G R A R L G A G V L R R

I V R R Y P E V T S G I P S T P P S
S * E G T R S S R R A S R H P P R R
L D S A P V A R G D L R D T L H A A

CTC TAG TGA GCG GCC ATG CCG AGC TGG CAG CTC GGC TAG CCA CTC CAC CCG CCG
39591 39600 39609 39618 39627 39636
GAG ATC ACT CGC CGG TAC GGC TCG ACC GTC GAG CCG ATC GGT GAG GTG GGC GGC

E I T R R Y G S T V E P I G E V G G
R S L A G T A R P S S R S V R W A A
D H S P V R L D R R A D R * G G R R

R R S S R S A E A C A T S A M D W A
A A A R G A R R R V R P A P W T G P
L P P E V Q E G G C V R H Q G H G L

CTC GCC GCC GAG CTG GAC GAG CGG AGG CGT GTG CGC CAC GAC CGG TAC AGG GTC
39645 39654 39663 39672 39681 39690
GAG CGG CGG CTC GAC CTG CTC GCC TCC GCA CAC GCG GTG CTG GCC ATG TCC CAG

E R R L D L L A S A H A V L A M S Q
S G G S T C S P P H T R C W P C P R
A A A R P A R L R T R G A G H V P G

T V P G H P P M Q H S G P A V T T E
P * R A T P R C R T R A P H S P P R
R D G P R P A A D P A L R T R R H D

CGC CAG TGG CCC GGC ACC CCG CCG TAG ACC ACG CTC GGC CCA CGC TGC CAC CAG
39699 39708 39717 39726 39735 39744
GCG GTC ACC GGG CCG TGG GGC GGC ATC TGG TGC GAG CCG GGT GCG ACG GTG GTC

A V T G P W G G I W C E P G A T V V
R S P G R G A A S G A S R V R W S
G H R A V G R H L V R A G C D G G L

S A A T L P V G T T P V P L P Q R A
R P R R S R C E R R P C P C R S G P
G L G G H A A S G D H A R A V A A Q

AGG CTC CGG CGG CAC TCG CCG TGA GGG CAG CAC CCG TGC CCG TTG CCG ACG GAC
39753 39762 39771 39780 39789 39798
TCC GAG GCC GCC GTG AGC GGC ACT CCC GTC GTG GGC ACG GGC AAC GGC TGC CTG

S E A A V S G T P V V G T G N G C L
P R P P * A A L P S W A R A T A A W
R G R R E R H S R R G H G Q R L P G

S I T G E T P S T T P Y P V S K A G
R S R A R P R R L R P I R C R S R A
G L D H G R D A F D H S V A G V E R

CGG CTC TAG CAC GGG AGC CAG CCG CTT CAG CAC CCT ATG CCG TGG CTG AAG CGC
39807 39816 39825 39834 39843 39852
GCC GAG ATC GTG CCC TCG GTC GGC GAA GTC GTG GGA TAC GGC ACC GAC TTC GCG

A E I V P S V G E V V G Y G T D F A
P R S C P R S A K S W D T A P T S R
R D R A L G R R S R G I R H R L R A

S S A R R V R A P S G A D S S T R R
R R L V G S G P L A A P M R R P G A
G V F C A P G Q C P Q R C G V L D P

GGG CTG CTT CGT GCG GCC TGG GAC CGT CCC GAC GGC CGT AGG CTG CTC CAG GCC
39861 39870 39879 39888 39897 39906
CCC GAC GAA GCA CGC CGG ACC CTG GCA GGG CTG CCG GCA TCC GAC GAG GTC CGG

P D E A R R T L A G L P A S D E V R
P T K H A G P W Q G C R H P T R S G
R R S T P D P G R A A G I R R G P A

A A T R N H P W T V I A S R Y T S C
H P P G T T P G H S S R R V T H P A
T R R D P Q P A M H R D G F P I H L

GCA CGC CGC CAG GCC AAC ACC CCG GTA CAC TGC TAG CGG CTT GCC ATA CAC CTC
39915 39924 39933 39942 39951 39960
CGT GCG GCG GTC CGG TTG TGG GGC CAT GTG ACG ATC GCC GAA CGG TAT GTG GAG

R A A V R L W G H V T I A E R Y V E
V R R S G C G A M * R S P N G M W S
C G G P V V G P C D D R R T V C G A

Y R L S S A P A V Q F H P A S A R L
T G C A A P R L S R S T L P R P G S
L V A P Q Q G S R G P L S P G L G P

GTC ATG GCG TCC GAC GAC CGG CCT CGC TGG ACC TTC ACT CCC CGG CTC CGG GCC
39969 39978 39987 39996 40005 40014
CAG TAC CGC AGG CTG CTG GCC GGA GCG ACC TGG AAG TGA GGG GCC GAG GCC CGG

Q Y R R L L A G A T W K * G A E A R
S T A G C W P E R P G S E G P R P G
V P Q A A G R S D L E V R G R G P E

P H V A R A E A R R * D K D L W P R
R T S R G P R P V D D T R T W G P A
A P P G G P G R C T T L G Q G A L P

TCG CCC ACC TGG CGG GCC CGG AGC CGT GCA GCA GTC AGG AAC AGG TCG GTC CCC
40023 40032 40041 40050 40059 40068

AGC GGG TGG ACC GCC CGG GCC TCG GCA CGT CGT CAG TCC TTG TCC AGC CAG GGG

S G W T A R A S A R R Q S L S S Q G
A G G P P G P R H V V S P C P A R G
R V D R P G L G T S S V L V Q P G A

P E P D A V E E A A G M F V L V Y A
R S P T P S R K P R G W S S W C M P
A A R P R R G R R G G G H L G A C L

GCG CCG AGC CCC AGC CGC TGG AGA AGC CGG CGG GGG TAC TTC TGG TCG TGT ATC
40077 40086 40095 40104 40113 40122

CGC GGC TCG GGG TCG GCG ACC TCT TCG GCC GCC CCC ATG AAG ACC AGC ACA TAG

R G S G S A T S S A A P M K T S T *
A A R G R R P L R P P P * R P A H R
R L G V G D L F G R P H E D Q H I G

R R T Q D T L N P G A Y H P A R L A
G A R R T P S I P A R T I R L A C P
G P A D P R H S Q P G R L A S R A P

CGG GCC GCG CAG ACC AGC CAC TCT AAC CCC GGG CGC ATT ACG CCT CGC GCG TCC
40131 40140 40149 40158 40167 40176

GCC CGG CGC GTC TGG TCG GTG AGA TTG GGG CCC GCG TAA TGC GGA GCG CGC AGG

A R R V W S V R L G P A * C G A R R
P G A S G R * D W G P R N A E R A G
P A R L V G E I G A R V M R S A Q G

H V V A E G S A L P V P V G A A P D
T C W P R V R P S P S P C G P P R T
R A G R G * G L R P P R A G R R G P

CGC ACG TGG TGC CGG AGT GGG CTC CGC TCC CCC TGC CCG TGG GGC CGC CGG CCC
40185 40194 40203 40212 40221 40230

GCG TGC ACC ACG GCC TCA CCC GAG GCG AGG GGG ACG GGC ACC CCG GCG GCC GGG

A C T T A S P E A R G T G T P A A G
R A P R P H P R R G G R A P R R P G
V H H G L T R G E G D G H P G G R V

V A D T V L G R I R D D D D I H R H
W R T P * W G G S V T T T T S T G T
G G R R D G A G P Y P R R R R H A P

AGG TGG CGC AGC CAG TGG TCG GGG GCC TAT GCC AGC AGC AGC AGC TAC ACG GCC

40239			40248			40257			40266			40275			40284		
TCC	ACC	GCG	TCG	GTC	ACC	AGC	CCC	CGG	ATA	CGG	TCG	TCG	TCG	TCG	ATG	TGC	CGG
S	T	A	S	V	T	S	P	R	I	R	S	S	S	S	M	C	R
P	P	R	R	S	P	A	P	G	Y	G	R	R	R	R	C	A	G
H	R	V	G	H	Q	P	P	D	T	V	V	V	V	D	V	P	V
P	L	V	P	G	L	H	A	G	P	V	Y	H	L	C	G	S	D
R	C	C	P	V	S	T	R	A	P	C	M	T	C	A	A	A	T
A	A	A	R	S	R	P	A	R	R	A	C	L	A	P	L	R	Q
ACG	CCG	TCG	TGC	CCT	GGC	TCC	ACG	CGC	GGC	CCG	TGT	ATC	ACG	TCC	GTC	GGC	GAC
40293			40302			40311			40320			40329			40338		
TGC	GGC	AGC	ACG	GGA	CCG	AGG	TGC	GCG	CCG	GGC	ACA	TAG	TGC	AGG	CAG	CCG	CTG
C	G	S	T	G	P	R	C	A	P	G	T	*	C	R	Q	P	L
A	A	A	R	D	R	G	A	R	R	A	H	S	A	G	S	R	C
R	Q	H	G	T	E	V	R	A	G	H	I	V	Q	A	A	A	V
V	T	A	E	D	L	P	T	W	I	S	L	G	R	R	R	C	R
W	P	P	R	T	W	R	P	G	Y	A	S	G	A	G	A	A	A
G	R	H	G	R	G	A	P	D	M	H	Q	A	R	A	P	P	L
AGG	TGC	CAC	CGG	AGC	AGG	TCG	CCC	CAG	GTA	TAC	GAC	TCG	GGC	GCG	GCC	GCC	GTC
40347			40356			40365			40374			40383			40392		
TCC	ACG	GTG	GCC	TCG	TCC	AGC	GGG	GTC	CAT	ATG	CTG	AGC	CCG	CGC	CGG	CGG	CAG
S	T	V	A	S	S	S	G	V	H	M	L	S	P	R	R	R	Q
P	R	W	P	R	P	A	G	S	I	C	*	A	R	A	G	G	S
H	G	G	L	V	Q	R	G	P	Y	A	E	P	A	P	A	A	A
P	D	M	Y	G	E	D	Q	H	W	P	T	A	A	G	Y	N	P
R	T	W	T	A	R	T	R	T	G	P	R	Q	R	A	T	T	R
A	P	G	H	L	G	R	G	P	A	L	A	N	G	R	R	L	E
GCG	CCC	AGG	TAC	ATC	GGG	AGC	AGG	ACC	ACG	GTC	CCG	CAA	CGG	CGC	GGC	ATC	AAG
40401			40410			40419			40428			40437			40446		
CGC	GGG	TCC	ATG	TAG	CCC	TCG	TCC	TGG	TGC	CAG	GGC	GTT	GCC	GCG	CCG	TAG	TTC
R	G	S	M	*	P	S	S	W	C	Q	G	V	A	A	P	*	F
A	G	P	C	S	P	R	P	G	A	R	A	L	P	R	R	S	S
R	V	H	V	A	L	V	L	V	P	G	R	C	R	A	V	V	R
P	K	L	I	A	H	G	Y	F	D	L	E	D	E	P	I	D	L
R	S	*	F	P	T	G	M	S	T	S	S	T	R	R	S	T	W
A	A	E	S	H	R	A	W	L	L	R	A	R	G	G	P	H	G
CCG	CCG	AAG	TCT	TAC	CGC	ACG	GGT	ATC	TTC	AGC	TCG	AGC	AGG	AGG	CCC	TAC	AGG
40455			40464			40473			40482			40491			40500		
GGC	GGC	TTC	AGA	ATG	GCG	TGC	CCA	TAG	AAG	TCG	AGC	TCG	TCC	TCC	GGG	ATG	TCC
G	G	F	R	M	A	C	P	*	K	S	S	S	S	S	G	M	S
A	A	S	E	W	R	A	H	R	S	R	A	R	P	P	G	C	P
R	L	Q	N	G	V	P	I	E	V	E	L	V	L	R	D	V	Q
L	Q	A	A	I	A	R	C	R	Q	F	H	A	S	E	V	L	E
C	S	R	P	S	R	G	A	G	S	S	I	R	V	R	S	W	S

A A A R R D G P V A P F A C E R G A
TCG TCG ACG CGC CGC TAG CGG GCC GTG GCG ACC TTT ACG CGT GAG AGC TGG TCG
40509 40518 40527 40536 40545 40554
AGC AGC TGC GCG GCG ATC GCC CGG CAC GCG TGG AAA TGC GCA CTC TCG ACC AGC
S S C A A I A R H R W K C A L S T S
A A A R R S P G T A G N A H S R P A
Q L R G D R P A P L E M R T L D Q L
P V F K E P R V I Q P L R A P R D S
P S S N R R A C S R R Y G P R G T P
R P R I E G P A R D A T A P G A Q R
AGC CCC TGC TTA AAG AGG CCC GCG TGC TAG ACG CCA TCG GCC CGG CCG GAC AGC
40563 40572 40581 40590 40599 40608
TCG GGG ACG AAT TTC TCC GGG CGC ACG ATC TGC GGT AGC CGG GCC GGC CTG TCG
S G T N F S G R T I C G S R A G L S
R G R I S P G A R S A V A G P A C R
G D E F L R A H D L R * P G R P V G
D Q R G A I D F Y D G T T F D A H E
I R A A P S T S T T A R L S T P T S
F G P P R R H R L L R G Y H L R R A
CTT AGG ACC GCC GGC CGC TAC AGC TTC ATC AGC GGG CAT CAC TTC AGC CGC ACG
40617 40626 40635 40644 40653 40662
GAA TCC TGG CGG CCG GCG ATG TCG AAG TAG TCG CCC GTA GTG AAG TCG GCG TGC
E S W R P A M S K * S P V V K S A C
N P G G R R C R S S R P * * S R R A
I L A A G D V E V V A R S E V G V L
S F L R D Y V G R L W E L E T D D V
P S C A I T S V A C G S W S R T T W
R L V P S R L C R A A V G A G H R G
AGC CTC TTG TCC GCT AGC ATC TGT GGC GCG TCG GTG AGG TCG AGG CAC AGC AGG
40671 40680 40689 40698 40707 40716
TCG GAG AAC AGG CGA TCG TAG ACA CCG CGC AGC CAC TCC AGC TCC GTG TCG TCC
S E N R R S * T P R S H S S S V S S
R R T G D R R H R A A T P A P C R P
G E Q A I V D T A Q P L Q L R V V H
L R P L S A F G D A Q F A A R H E E
S G R C R H S D T P R S P Q A T S R
R A A A A I R I R R G P L S R P A G
TGC TCG GCG CCG TCG CTA CGC TTA GGC AGC CGG ACC TTC CGA CGC GCC ACG AGG
40725 40734 40743 40752 40761 40770
ACG AGC CGC GGC AGC GAT GCG AAT CCG TCG GCC TGG AAG GCT GCG CGG TGC TCC
T S R G S D A N P S A W K A A R C S
R A A A A M R I R R P G R L R G A P
E P R Q R C E S V G L E G C A V L L

← (M) Q 0.

D I V T E V A G M R R S R E D P (M) Q
 T S * L K W P G W V A A G K T L C K
 R R D C N G R G G Y P P E K R * A N

AGC AGC TAG TGT CAA AGG TGC CGG GGG TAT GCC GCC GAG GAA AGC AGT CCG TAA
 40779 40788 40797 40806 40815 40824
 TCG TCG ATC ACA GTT TCC ACG GCC CCC ATA CGG CGG CTC CTT TCG TCA GGC ATT

S S I T V S T A P I R R L L S S G I
 R R S Q F P R P P Y G G S F R Q A F
 V D H S F H G P H T A A P F V R H L

P S R Y T G G R F I A D A K A P S Y
 L H V I R E E G S Y P M P K L R L I
 S T F S V N R G P I H C R S * G S F

ACT CCA CTT GCT ATG CAA GGA GGG GCC TTA TAC CGT AGC CGA AAT CGG CCT CTT
 40833 40842 40851 40860 40869 40878
 TGA GGT GAA CGA TAC GTT CCT CCC CGG AAT ATG GCA TCG GCT TTA GCC GGA GAA

* G E R Y V P P R N M A S A L A G E
 E V N D T F L P G I W H R L * P E N
 R * T I R S S P E Y G I G F S R R I

H I S * V R A P L P S D M A T P R R
 T F Q S S E Q R Y R H I W P R R A A
 L S N V L S K G T A T F G H G D P P

ATC ACT TAA CTG ATC TGA GAA CGG CCA TCG CCA CTT AGG TAC CGG CAG CCC GCC
 40887 40896 40905 40914 40923 40932
 TAG TGA ATT GAC TAG ACT CTT GCC GGT AGC GGT GAA TCC ATG GCC GTC GGG CGG

* * I D * T L A G S G E S M A V G R
 S E L T R L L P V A V N P W P S G G
 V N * L D S C R * R * I H G R R A A

E W Q H A H L V R P A V Y T F Y P L
 S G N I R T Y Y E R R S T H L I R S
 A G M S A R T I S E A R R I Y F V P

GCG AGG GTA ACT ACG CGC ACA TTA TGA GAG CCG CGC TGC ATA CAT TTT ATG CCC
 40941 40950 40959 40968 40977 40986
 CGC TCC CAT TGA TGC GCG TGT AAT ACT CTC GGC GCG ACG TAT GTA AAA TAC GGG

R S H * C A C N T L G A T Y V K Y G
 A P I D A R V I L S A R R M * N T G
 L P L M R V * Y S R R D V C K I R E

P N S H S S V T R N R Q I D S A D D
 R T A I V P C L A I A N S T P P T M
 A P Q * S Q V C H S Q T P H R L R *

TCG CCC AAC GAT ACT GAC CTG TGT CAC GCT AAC GCA ACC TAC AGC CTC CGC AGT
 40995 41004 41013 41022 41031 41040
 AGC GGG TTG CTA TGA CTG GAC ACA GTG CGA TTG CGT TGG ATG TCG GAG GCG TCA

P.

S G E L * L D T V R L R W M S E A S
 A G C Y D W T Q C D C V G C R R R H
 R V A (M) T G H S A I A L D V G G V I
 V V V L R E F Q S P K L P G E V K R
 * * S S G K S S A Q S * P V K S R A
 R S R R A K R V P K A E P S R R G Q

 AGA TGA TGC TGC TCG GAA AGC TTG ACC GAA CCG AAG TCC CCT GGA AGC TGG AAC
 41049 41058 41067 41076 41085 41094
 TCT ACT ACG ACG AGC CTT TCG AAC TGG CTT GGC TTC AGG GGA CCT TCG ACC TTG

 S T T T S L S N W L G F R G P S T L
 L L R R A F R T G L A S G D L R P C
 Y Y D E P F E L A W L Q G T F D L A

 D G S I R T N G E A I E D L V G L T
 T V A S G L T V R R S K M S S V S R
 P * R Q D S H * G G R N * R P C R A

 GCC AGT GGC GAC TAG GCT CAC AAT GGG AGG CGC TAA AGT AGC TCC TGT GGC TCG
 41103 41112 41121 41130 41139 41148
 CGG TCA CCG CTG ATC CGA GTG TTA CCC TCC GCG ATT TCA TCG AGG ACA CCG AGC

 R S P L I R V L P S A I S S R T P S
 G H R * S E C Y P P R F H R G H R A
 V T A D P S V T L R D F I E D T E R

 E I Q V P F R R R L S R A N E R R C
 K * R S P F V G A S R G P M R E E A
 N R D P R S F A P P A V P C E R K P

 CAA AGA TAG ACC TGC CCT TTT GCG GCC GCC TCG CTG GCC CGT AAG AGA GAA GCC
 41157 41166 41175 41184 41193 41202
 GTT TCT ATC TGG ACG GGA AAA CGC CGG CGG AGC GAC CGG GCA TTC TCT CTT CGG

 V S I W T G K R R R S D R A F S L R
 F L S G R E N A G G A T G H S L F G
 F Y L D G K T P A E R P G I L S S A

 R G V L A P D P N S P G P P F Q G L
 A A S S L Q T R T R R A Q R S S A W
 L P R R S S P G P E V P R A P V P G

 GTC GCC GGC TGC TCT CGA CCC AGG CCC AAG CTG CCC GGA CCG CCC TTG ACC GGG
 41211 41220 41229 41238 41247 41256
 CAG CGG CCG ACG AGA GCT GGG TCC GGG TTC GAC GGG CCT GGC GGG AAC TGG CCC

 Q R P T R A G S G F D G P G G N W P
 S G R R E L G P G S T G L A G T G P
 A A D E S W V R V R R A W R E L A Q

 L N R T R N R R D R G E G A F H R R
 S I G P E I A A T V A R A R S I G V
 P S E Q N S Q P P * P G R G R F A S

 TCC TCT AAG GAC CAA GCT AAC GCC GCC AGT GCC GGG AGC GGG CGC TTT ACG GCT

41265 41274 41283 41292 41301 41310
 AGG AGA TTC CTG GTT CGA TTG CGG CGG TCA CGG CCC TCG CCC GCG AAA TGC CGA

 R R F L V R L R R S R P S P A K C R
 G D S W F D C G G H G P R P R N A D
 E I P G S I A A V T A L A R E M P T

 R H D R I L R G L A G V Y E R F P P
 V T T A F * G G S H A S T S A S H P
 S P P R S D A A R T R R R V R P I P

 GCT GCC ACC AGC GCT TAG TCG GCG GGC TCA CGC GGC TGC ATG AGC GCC TTA CCC
 41319 41328 41337 41346 41355 41364
 CGA CGG TGG TCG CGA ATC AGC CGC CCG AGT GCG CCG ACG TAC TCG CGG AAT GGG

 R R W S R I S R P S A P T Y S R N G
 D G G R E S A A R V R R R T R G M G
 T V V A N Q P P E C A D V L A E W G

 Q G G D Q L R H D E V A E F P D G L
 S V A T R S V T T R S Q K S P T A L
 A S R R G P S P P G R S S R L P R W

 CCG ACT GGC GGC AGG ACC TCT GCC ACC AGG AGC TGA CGA AGC TTC CCC AGC GGT
 41373 41382 41391 41400 41409 41418
 GGC TGA CCG CCG TCC TGG AGA CGG TGG TCC TCG ACT GCT TCG AAG GGG TCG CCA

 G * P P S W R R W S S T A S K G S P
 A D R R P G D G G P R L L R R G R Q
 L T A V L E T V V L D C F E G V A K

 G I G P Q Q A D G Q G P E A P G G A
 G S G R S S P M A R A R S P R G G P
 A R D G A A P C R G P G A R G A G R

 TCG GGC TAG GGG CCG ACG ACC CGT AGC GGG ACC GGG CCG AGC CGG CCG GGG GGC
 41427 41436 41445 41454 41463 41472
 AGC CCG ATC CCC GGC TGC TGG GCA TCG CCC TGG CCC GGC TCG GCC GGC CCC CCG

 S P I P G C W A S P W P G S A G P P
 A R S P A A G H R P G P A R P A P R
 P D P R L L G I A L A R L G R P P G

 L Q Q H H A V A D V V V H C G G T G
 S S S T T P L R T S W S T A G A R E
 R A A P P P C G R R G R R P V R G N

 CGC TCG ACG ACC ACC ACC CGT TGG CGC AGC TGG TGC TGC ACC GTG GGC GGG CAA
 41481 41490 41499 41508 41517 41526
 GCG AGC TGC TGG TGG TGG GCA ACC GCG TCG ACC ACG ACG TGG CAC CCG CCC GTT

 A S C W W W A T A S T T T W H P P V
 R A A G G G Q P R R P R R G T P P F
 E L L V V G N R V D H D V A P A R S

 Q A A R R H E Y Q R L V A V A P W R
 R P Q G A T N T S G S S P * R L G G

G P S G P P T R V A P P R S G C A V

 GGG ACC CGA CGG GCC GCC ACA AGC ATG ACG GCC TCC TGC CGA TGG CGT CCG GTG
 41535 41544 41553 41562 41571 41580
 CCC TGG GCT GCC CGG CGG TGT TCG TAC TGC CGG AGG ACG GCT ACC GCA GGC CAC

 P W A A R R C S Y C R R T A T A G H
 P G L P G G V R T A G G R L P Q A T
 L G C P A V F V L P E D G Y R R P P

 A D M R V E G P G V A G Q A R D T G
 P T W G S R V R A * R A R R A T R V
 P R G D P G * G P R G R G A R P G Y

 GCC CGC AGG TAG GCC TGG AGT GGG CCC GGA TGG CGC GGG ACG CGC GCC AGG CAT
 41589 41598 41607 41616 41625 41634
 CGG GCG TCC ATC CGG ACC TCA CCC GGG CCT ACC GCG CCC TGC GCG CGG TCC GTA

 R A S I R T S P G P T A P C A R S V
 G R P S G P H P G L P R P A R G P Y
 G V H P D L T R A Y R A L R A V R T

 H R R P V V H R P D G G E G V Q G R
 T G G P S S T G R T A E R A S R A A
 R A E P P R R A A P R R G R R G P R

 GGC ACG GAG GCC CCC TGC TGC ACG GCG CCC AGC GGA GGG AGC GGC TGG ACC GGC
 41643 41652 41661 41670 41679 41688
 CCG TGC CTC CGG GGG ACG ACG TGC CGC GGG TCG CCT CCC TCG CCG ACC TGG CCG

 P C L R G T T C R G S P P S P T W P
 R A S G G R R A A G R L P R R P G R
 V P P G D D V P R V A S L A D L A A

 R G Q R A E T R Q S W P P G A A R P
 D G R A R R P A S H G R R V Q Q G P
 T A G P A G R H A T V V A S R S G P

 GCA GCG GGG ACC GCG CGG AGC CAC GCG ACA CTG GTG CCG CCT GGA CGA CGG GCC
 41697 41706 41715 41724 41733 41742
 CGT CGC CCC TGG CGC GCC TCG GTG CGC TGT GAC CAC GGC GGA CCT GCT GCC CGG

 R R P W R A S V R C D H G G P A A R
 V A P G A P R C A (V) T T A D L L P G Q
 S P L A R L G A L * P R R T C C P G

 G Y P P S R P S P N * R I G A S P W
 V T R R H D P R R T E D S G P Q R G
 S R V A T I P A V P K M P D R S V A

 CCT GGC ATG CCG CCA CTA GCC CCG CTG CCC AAA GTA GCC TAG GGC CGA CTG CCG
 41751 41760 41769 41778 41787 41796
 GGA CCG TAC GGC GGT GAT CGG GGC GAC GGG TTT CAT CGG ATC CCG GCT GAC GGC

 G P Y G G D R G D G F H R I P A D G
 D R T A V I G A T G F I G S R L T A
 T V R R * S G R R V S S D P G * R P


```

      A  *  R  Q  R  G  A  R  A  P  R  R  *  G  P  T  G  A
      P  E  G  S  V  A  R  A  R  R  G  G  E  V  P  R  E  R
      L  S  V  A  S  P  G  R  A  G  A  A  K  L  R  A  N  G
      ---
GTC CGA GTG GCG ACT GCC GGG CGC GCG CGG CCG GCG GAA GTT GGC CCG CAA GGG
      41805          41814          41823          41832          41841          41850
CAG GCT CAC CGC TGA CGG CCC GCG CGC GCC GGC CGC CTT CAA CCG GGC GTT CCC
      ---
      Q  A  H  R  *  R  P  A  R  A  G  R  L  Q  P  G  V  P
      R  L  T  A  D  G  P  R  A  P  A  A  F  N  R  A  F  P
      G  S  P  L  T  A  R  A  R  R  P  P  S  T  G  R  S  R
      ---
      P  P  R  R  G  P  R  G  P  V  P  P  P  R  C  R  R  S
      R  H  D  A  A  P  G  G  R  S  Q  R  L  G  V  D  D  V
      G  T  T  P  P  R  A  A  G  P  S  A  S  A  S  M  T  *
      ---
CGG CCA CCA GCC GCC GGC CCG GCG GGG CCC TGA CCG CCT CCG GCT GTA GCA GAT
      41859          41868          41877          41886          41895          41904
GCC GGT GGT CGG CGG CCG GGC CGC CCC GGG ACT GGC GGA GGC CGA CAT CGT CTA
      ---
      A  G  G  R  R  P  G  R  P  G  T  G  G  G  R  H  R  L
      P  V  V  G  G  R  A  A  P  G  L  A  E  A  D  I  V  Y
      R  W  S  A  A  G  P  P  R  D  W  R  R  P  T  S  S  T
      ---
      G  P  R  R  G  *  D  P  G  R  R  V  D  A  R  G  P  R
      E  Q  G  G  A  E  T  R  D  E  G  F  T  P  G  V  Q  D
      K  R  A  A  P  R  L  G  T  R  A  S  R  R  G  S  R  T
      ---
GAA GGA CCG GCG GCC GGA GTC AGG CCA GGA GCG GCT TGC AGC CGG GCT GGA CCA
      41913          41922          41931          41940          41949          41958
CTT CCT GGC CGC CGG CCT CAG TCC GGT CCT CGC CGA ACG TCG GCC CGA CCT GGT
      ---
      L  P  G  R  R  P  Q  S  G  P  R  R  T  S  A  R  P  G
      F  L  A  A  G  L  S  P  V  L  A  E  R  R  P  D  L  V
      S  W  P  P  A  S  V  R  S  S  P  N  V  G  P  T  W  S
      ---
      P  R  V  G  V  A  P  R  P  A  P  P  A  T  W  L  P  V
      L  G  F  A  S  Q  Q  D  L  H  Q  L  R  Q  G  S  R  S
      S  A  S  R  R  S  S  T  S  T  S  S  A  S  D  L  A  P
      ---
GCT CCG GCT TGC GGC TGA CGA CCA GCT CCA CGA CCT CCG CGA CAG GTC TCG CCC
      41967          41976          41985          41994          42003          42012
CGA GGC CGA ACG CCG ACT GCT GGT CGA GGT GCT GGA GGC GCT GTC CAG AGC GGG
      ---
      R  G  R  T  P  T  A  G  R  G  A  G  G  A  V  Q  S  G
      E  A  E  R  R  L  L  V  E  V  L  E  A  L  S  R  A  G
      R  P  N  A  D  C  W  S  R  C  W  R  R  C  P  E  R  D
      ---
      G  G  P  T  R  V  P  W  S  P  R  P  P  R  R  A  R  P
      V  A  R  H  E  Y  Q  G  A  R  A  P  R  D  V  R  G  L
      C  R  G  T  N  T  S  A  L  E  P  P  A  T  *  A  G  S
      ---
TGT GGC GGG CCA CAA GCA TGA CCG GTC GAG CCC GCC CCG CCA GAT GCG CGG GCT
      42021          42030          42039          42048          42057          42066
ACA CCG CCC GGT GTT CGT ACT GGC CAG CTC GGG CGG GGC GGT CTA CGC GCC CGA
      ---

```

T P P G V R T G Q L G R G G L R A R
 H R P V F V L A S S G G A V Y A P E
 T A R C S Y W P A R A G R S T R P R

 R V A T G P S W G S G A R S R R R A
 D F R R V P L G A R G P G V G D V P
 T S G G Y R S V L G V R G S E T * P

 CCA GCT TGG CGG CAT GGC CCT CTG GTC GGG CTG GGC CGG GCT GAG GCA GAT GCC
 42075 42084 42093 42102 42111 42120
 GGT CGA ACC GCC GTA CCG GGA GAC CAG CCC GAC CCG GCC CGA CTC CGT CTA CGG

 G R T A V P G D Q P D P A R L R L R
 V E P P Y R E T S P T R P D S V Y G
 S N R R T G R P A R P G P T P S T G

 R W A G G R V R A T G A S P H R G H
 V G L E A E F A L Q A P V R I G D T
 C A L S R R S R S S H R C E S A T R

 CGT GCG GTT CGA GGC GGA GCT TGC GCT CGA CAC GGC CGT GAG CCT ACG GCA GGC
 42129 42138 42147 42156 42165 42174
 GCA CGC CAA GCT CCG CCT CGA ACG CGA GCT GTG CCG GCA CTC GGA TGC CGT CCG

 A R Q A P P R T R A V P A L G C R P
 H A K L R L E R E L C R H S D A V R
 T P S S A S N A S C A G T R M P S V

 R P R A T S C H R R D R G A R G A R
 G H D R P Q A I D V T G A L A G Q A
 A T T A R N L L T * P G P W R A R R

 ACG GCA CCA GCG CGC CAA CTC GTT ACA GAT GCC AGG GCC GGT CGC GCG GGA CGC
 42183 42192 42201 42210 42219 42228
 TGC CGT GGT CGC GCG GTT GAG CAA TGT CTA CGG TCC CGG CCA GCG CGC CCT GCG

 C R G R A V E Q C L R S R P A R P A
 A V V A R L S N V Y G P G Q R A L R
 P W S R G * A M S T V P A S A P C A

 T R H A A A S A S P P R G P R A R A
 P E T H Q R V P Q R R G G P A L G H
 P N P T S G C Q S V A A A R P S G T

 GCC CAA GCC ACA CGA CGG CGT GAC CGA CTG CCG CCG GCG GGC CCC GCT CGG GCA
 42237 42246 42255 42264 42273 42282
 CGG GTT CGG TGT GCT GCC GCA CTG GCT GAC GGC GGC CGC CCG GGG CGA GCC CGT

 R V R C A A A L A D G G R P G R A R
 G F G V L P H W L T A A A R G E P V
 G S V C C R T G * R R P P G A S P C

 P T R R D A H P G P S H G R R R R *
 P H E A I R M H D P V I D V D V V D
 R T N P S G C T T R S * T W T S S T

 CGC CCA CAA GCC GCT AGG CGT ACA CCA GGC CCT GAT ACA GGT GCA GCT GCT GCA

42294 42300 42309 42318 42327 42336
 GCG GGT GTT CGG CGA TCC GCA TGT GGT CCG GGA CTA TGT CCA CGT CGA CGA CGT

 A G V R R S A C G P G L C P R R R R
 R V F G D P H V V R D Y V H V D D V
 G C S A I R M W S G T M S T S T T S

 G T G A R A A R G P R R R G A A R R
 G P E Q E R Q A A P D A A A P Q G G
 V R N R S A S R P R T P P P R S G A

 GTG GGC CAA GGA CGA GCG CGA CGC GCC GGC CCA GCC GCC GCC GGC CGA CGG GCG
 42345 42354 42363 42372 42381 42390
 CAC CCG GTT CCT GCT CGC GCT GCG CGG CCG GGT CGG CGG CGG CCG GCT GCC CGC

 H P V P A R A A R P G R R R P A A R
 T R F L L A L R G R V G G G R L P A
 P G S C S R C A A G S A A A G C P P

 P S R R S P R A W K A S R G A P S R
 H H V D A R A H G S R Q A A Q Q L D
 T T F T P E P T G V E S L P R S S I

 GCA CCA CTT GCA GCC GAG CCC GCA CGG GTG AAG CGA CTC GCC GGA CGA CCT CTA
 42399 42408 42417 42426 42435 42444
 CGT GGT GAA CGT CGG CTC GGG CGT GCC CAC TTC GCT GAG CGG CCT GCT GGA GAT

 R G E R R L G R A H F A E R P A G D
 V V N V G S G V P T S L S G L L E I
 W * T S A R A C P L R * A A C W R S

 T R H S R R S R R P A S P A P V T R
 H G T H G A A G D R H A P L P S P G
 T D P T V P P E T A T R Q S R P R D

 GCA CAG GCC ACA CTG GCC GCC GAG GCA GCG CCA CGC GAC CCT CGC CCC TGC CAG
 42453 42462 42471 42480 42489 42498
 CGT GTC CGG TGT GAC CGG CGG CTC CGT CGC GGT GCG CTG GGA GCG GGG ACG GTC

 R V R C D R R L R R G A L G A G T V
 V S G V T G G S V A V R W E R G R S
 C P V * P A A P S R C A G S G D G P

 R G A P C S A P H R V P G R R V R S
 E V P L A V P Q I D C P G A G F E V
 K S R C P L Q S S T A R A R A S S S

 GAA GCT GGC CGT CCC GTT GAC CGA CCT ACA GCG TGC CCG GGC GCG GCT TGA GCT
 42507 42516 42525 42534 42543 42552
 CTT CGA CCG GCA GGG CAA CTG GCT GGA TGT CGC ACG GGC CCG CGC CGA ACT CGA

 L R P A G Q L A G C R T G P R R T R
 F D R Q G N W L D V A R A R A E L D
 S T G R A T G W M S H G P A P N S T

 A P R W G G S R P H G A T S P A H A
 P P G G D G Q G L T D P L A P L T H

Q R A A M G R V S P T R C H Q S R T

 GAC CGC CCG GCG GTA GGG GGA CTG GCT CCC ACA GGC CGT CAC GAC CCT CGC ACA
 42561 42570 42579 42588 42597 42606
 CTG GCG GGC CGC CAT CCC CCT GAC CGA GGG TGT CCG GCA GTG CTG GGA GCG TGT

 L A G R H P P D R G C P A V L G A C
 W R A A I P L T E G V R Q C W E R V
 G G P P S P * P R V S G S A G S V C

 G R R R G P G K R R S A S S P * V R
 E V V G A P G R G G R R A L R D S A
 S W S A P R A G E A E V R * V T L R

 CGA GGT GCT GCG GCC GGC CCG GGG AAG GCG GAG CTG CGC GAT CTG CCA GTC TGC
 42615 42624 42633 42642 42651 42660
 GCT CCA CGA CGC CGG CCG GGC CCC TTC CGC CTC GAC GCG CTA GAC GGT CAG ACG

 A P R R R P G P F R L D A L D G Q T
 L H D A G R A P S A S T R * T V R R
 S T T P A G P L P P R R A R R S D A

 * V T L R T L R M R P R L S A P S W
 N S P * V R * V C G R V S R H R A G
 T L R D S A D S A D A S P A I G P E

 GCA ATC TGC CAG TCT GCG CAG TCT GCG TAG GCG CCT GCC TCG CTA CGG CCC GAG
 42669 42678 42687 42696 42705 42714
 CGT TAG ACG GTC AGA CGC GTC AGA CGC ATC CGC GGA CGG AGC GAT GCC GGG CTC

 R * T V R R V R R I R G R S D A G L
 V R R S D A S D A S A D G A M P G S
 L D G Q T R Q T H P R T E R C R A P

 G R V W R T T F G P M L A T I L A Q
 G E Y G G L P S A R C * R Q S * P R
 V R T G V S H H L G A D V S H D P G

 GTG GGA GCA TGG GTG GCT CAC CAC TTC GGG CCG TAG TTG CGA CAC TAG TCC CGG
 42723 42732 42741 42750 42759 42768
 CAC CCT CGT ACC CAC CGA GTG GTG AAG CCC GGC ATC AAC GCT GTG ATC AGG GCC

 H P R T H R V V K P G I N A V I R A
 T L V P T E W * S P A S T L * S G P
 P S Y P P S G E A R H Q R C D Q G L

 V P R N G A D P Q D G P L S G H R P
 S R G I G L T P S T V L Y L G T A P
 P G A S E W R R A P * W T S V R P P

 ACC TGG CCG GCT AAG GGT CGC AGC CCG ACC AGT GGT CCA TCT CTG GGC ACC GCC
 42777 42786 42795 42804 42813 42822
 TGG ACC GGC CGA TTC CCA GCG TCG GGC TGG TCA CCA GGT AGA GAC CCG TGG CGG

 W T G R F P A S G W S P G R D P W R
 G P A D S Q R R A G H Q V E T R G G
 D R P I P S V G L V T R * R P V A G

```

R L P R P R G D Q R S G R Q G T R R
D Y L D H A D M K G P A E S V P A A
T T S T T P T W R A P L R A S R H P
---
CCA GCA TCT CCA GCA CCC GCA GGT AGA ACG GCC CTC GGA GCG ACT GGC CAC GCC
42831 42840 42849 42858 42867 42876
GGT CGT AGA GGT CGT GGG CGT CCA TCT TGC CGG GAG CCT CGC TGA CCG GTG CGG
---
G R R G R G R P S C R E P R * P V R
V V E V V G V H L A G S L A D R C G
S * R S W A S I L P G A S L T G A A
---
A D R G G G D F P R E R G G R A V P
P M G A A A M L R A N E A A A L L Q
P C G P R R W * V P T R P R R S C S
---
GCC CGT AGG GCC GGC GGC GGT AGT TTG CCC GCA AGA GCC GGC GGC GCT CGT TGA
42885 42894 42903 42912 42921 42930
CGG GCA TCC CGG CCG CCG CCA TCA AAC GGG CGT TCT CGG CCG CCG CGA GCA ACT
---
R A S R P P P S N G R S R P P R A T
G H P G R R H Q T G V L G R R E Q L
G I P A A A I K R A F S A A A S N W
---
P R L Q G G A P R R G P R A G A P R
R V S N D E P L A D A Q A H A Q Q A
A S P T T R R C P T P R P T R R S P
---
CCG CCT GCC TCA ACA GGA GGC CGT CCC GCA GCC GGA CCC GCA CGC GGA CGA CCC
42939 42948 42957 42966 42975 42984
GGC GGA CGG AGT TGT CCT CCG GCA GGG CGT CGG CCT GGG CGT GCG CCT GCT GGG
---
G G R S C P P A G R R P G R A P A G
A D G V V L R Q G V G L G V R L L G
R T E L S S G R A S A W A C A C W A
---
P G R A H R H R R P H R G T G R G
R D E H T G T V A D H I D A L G A V
A T R T R A P S P T T S T P W D R S
---
GCG CCA GGA GCA CGC ACG GCC ACT GCC GCA GCA CCT ACA GCC GGT CAG GGC GCT
42993 43002 43011 43020 43029 43038
CGC GGT CCT CGT GCG TGC CCG TGA CGG CGT CGT GGA TGT CGG CCA GTC CCG CGA
---
R G P R A C R * R R R G C R P V P R
A V L V R A G D G V V D V G Q S R D
R S S C V P V T A S W M S A S P A T
---
T R R L G G R R R G A R V R G H R A
L E A F A V A G D V Q E Y E A T A R
W N P S P W R A T S R S T S P R P A
---
GGT CAA GCC GCT TCC GGT GGC GCG GCA GCT GGA CGA GCA TGA GCC GGC ACC GCG
43047 43056 43065 43074 43083 43092
CCA GTT CCG CGA AGG CCA CCG CGC CGT CGA CCT GCT CGT ACT CGG CCG TGG CGC
---

```

P V R R R P P R R R P A R T R P W R
 Q F G E G H R A V D L L V L G R G A
 S S A K A T A P S T C S Y S A V A R
 G P D D R R G A R L L R G Q R G T A
 E P T M A D A L E F Y A A K G A Q Q
 S R P * R T P W S S T P P R A P R N

 CGA GGC CCC AGT AGC GCA GCC GGT CGA GCT TCA TCC GCC GGA ACG GCC GGA CAA
 43101 43110 43119 43128 43137 43146
 GCT CCG GGG TCA TCG CGT CGG CCA GCT CGA AGT AGG CGG CCT TGC CGG CCT GTT

 A P G S S R R P A R S R R P C R P V
 L R G H R V G Q L E V G G L A G L L
 S G V I A S A S S K * A A L P A C C
 P V R R V G P H V A A P L R Q P L A
 Q Y V G S V L T F L R Q Y A N R Y L
 S T C A P C W P S C G S T P T A T S

 CGA CCA TGT GCG GCC TGT GGT CCC ACT TGT CGG CGA CCA TCC GCA ACG CCA TCT
 43155 43164 43173 43182 43191 43200
 GCT GGT ACA CGC CGG ACA CCA GGG TGA ACA GCC GCT GGT AGG CGT TGC GGT AGA

 A G T R R T P G * T A A G R R C G R
 L V H A G H Q G E Q P L V G V A V E
 W Y T P D T R V N S R W * A L R * S
 V R L V G R G G G G H R G Q E G H R
 S E Y F A G A E E E T V D K N V T A
 R S T S R G P R R R R S T R T * R P

 CGC TGA GCA TCT TGC GGG GCC GGA GGA GGA GGC ACT GCA GGA ACA AGT GGC ACC
 43209 43218 43227 43236 43245 43254
 GCG ACT CGT AGA ACG CCC CGG CCT CCT CCT CCG TGA CGT CCT TGT TCA CCG TGG

 A T R R T P R P P P P * R P C S P W
 R L V E R P G L L L R D V L V H R G
 D S * N A P A S S S V T S L F T V A
 A R V D R G A H R Q L A G P P R R H
 L V S T A A L M G S Y L A L H V G T
 S C P R R P W C A A T S R W T S A P

 GCT CGT GCC TGC AGC GCC GGT CGT ACG GCG ACA TCT CGC GGT CCA CCT GCG GCC
 43263 43272 43281 43290 43299 43308
 CGA GCA CGG ACG TCG CGG CCA GCA TGC CGC TGT AGA GCG CCA GGT GGA CGC CGG

 R A R T S R P A C R C R A P G G R R
 E H G R R G Q H A A V E R Q V D A G
 S T D V A A S M P L * S A R W T P V
 V A A P R P L L R R R R R P L L R P
 S L L P D L F C A A D G A L Y Y G P
 P C C R T S S A P P T A P S T T A P

 ACC TGT CGT CGC CCA GCT CCT TCG TCC GCC GCA GCG GCC GCT CCA TCA TCG GCC

43317 43326 43335 43344 43353 43362
 TGG ACA GCA GCG GGT CGA GGA AGC AGG CGG CGT CGC CGG CGA GGT AGT AGC CGG

 W T A A G R G S R R R R R R G S S R
 G Q Q R V E E A G G V A G E V V A G
 D S S G S R K Q A A S P A R * * P G

 R P L Q R R R L L L G A G G T R G A
 G H F S D A V Y S F D Q E V R V G P
 A T S A T P S T P S T R S W G Y A R

 CCG GCA CCT TCG ACA GCC GCT GCA TCC TCT TCA GGA CGA GGT GGG CAT GCG GGC
 43371 43380 43389 43398 43407 43416
 GGC CGT GGA AGC TGT CGG CGA CGT AGG AGA AGT CCT GCT CCA CCC GTA CGC CCG

 G R G S C R R R R S P A P P V R P
 A V E A V G D V G E V L L H P Y A R
 P W K L S A T * E K S C S T R T P G

 P L R R E G H P R A R D P I G R G A
 Q Y V G N A M L D R V T P S E E V L
 S T S A T R W S T A C P R P N R S W

 CGA CCA TCT GCG GCA AGC GGT ACT CCA GCG CGT GCC AGC CCC TAA GGA GCT GGT
 43425 43434 43443 43452 43461 43470
 GCT GGT AGA CGC CGT TCG CCA TGA GGT CGC GCA CGG TCG GGG ATT CCT CGA CCA

 A G R R R S P * G R A R S G I P R P
 L V D A V R H E V A H G R G F L D Q
 W * T P F A M R S R T V G D S S T S

 L G A D G G P R R T G P P A G P V P
 S A L M A E L D A H E R R R E L F R
 R P W C R R W T P T N G A A S W S G

 CGC TCC GGT CGT AGC GGA GGT CCA GCC GCA CAA GGG CCG CCG CGA GGT CCT TGG
 43479 43488 43497 43506 43515 43524
 GCG AGG CCA GCA TCG CCT CCA GGT CGG CGT GTT CCC GGC GGC GCT CCA GGA ACC

 A R P A S P P G R R V P G G A P G T
 R G Q H R L Q V G V F P A A L Q E P
 E A S I A S R S A C S R R R S R N R

 G P P L R F R R Q V P G R A A P D G
 D Q H C V F G V S Y R D G R L P I V
 T R T A S S V S A T G T G A C R S *

 CCA GGA CCA CCG TCT GCT TTG GCT GCG ACA TGG CCA GGG GCG CGT CGC CCT AGT
 43533 43542 43551 43560 43569 43578
 GGT CCT GGT GGC AGA CGA AAC CGA CGC TGT ACC GGT CCC CGC GCA GCG GGA TCA

 G P G G R R N R R C T G P R A A G S
 V L V A D E T D A V P V P A Q R D H
 S W W Q T K P T L Y R S P R S G I T

 L V L R G P R Q H R Q H G R H A F Q
 W Y W G D P A S I V N I G G T P S S

G T G A T R P A S S T S A G Q P R V

GGG TCA TGG TCG GCA GGC CCC GCG ACT ACT GCA ACT ACG GGG GAC ACC CGC TTG
43587 43596 43605 43614 43623 43632
CCC AGT ACC AGC CGT CCG GGG CGC TGA TGA CGT TGA TGC CCC CTG TGG GCG AAC

P S T S R P G R * * R * C P L W A N
P V P A V R G A D D V D A P C G R T
Q Y Q P S G A L M T L M P P V G E L

A A A L R G A L L G L D R R Q P L D
P L L S G G Q W Y G W I A V N R F I
P C C R A A R G T A G S R S T A S S

ACC CGT CGT CGC TCG GCG GGA CGG TCA TCG GGG TCT AGC GCT GCA ACG CCT TCT
43641 43650 43659 43668 43677 43686
TGG GCA GCA GCG AGC CGC CCT GCC AGT AGC CCC AGA TCG CGA CGT TGC GGA AGA

W A A A S R P A S S P R S R R C G R
G Q Q R A A L P V A P D R D V A E D
G S S E P P C Q * P Q I A T L R K I

R A P P P E E P A Q L H R R G P G L
E H P R R N K L H K S I V G A R G S
R T R A A T R * T S P S S A P G A R

AGA GCA CGC CCG CCG CCA AGA AGT CCA CGA ACC TCT ACT GCG GCC GGG CCG GGC
43695 43704 43713 43722 43731 43740
TCT CGT GCG GGC GGC GGT TCT TCA GGT GCT TGG AGA TGA CGC CGG CCC GGC CCG

S R A G G G S S G A W R * R R P G P
L V R A A V L Q V L G D D A G P A R
S C G R R F F R C L E M T P A R P E

R R H R L R V G R Q G A * R H R P G
A D I V Y D F E E S V L E G T D P D
P T S S T T S S R A S W S V P T P T

TCC GCA GCT ACT GCA TCA GCT TGA GGA GCG ACT GGT CGA GTG GCC ACA GCC CCA
43749 43758 43767 43776 43785 43794
AGG CGT CGA TGA CGT AGT CGA ACT CCT CGC TGA CCA GCT CAC CGG TGT CGG GGT

R R R * R S R T P R * P A H R C R G
G V D D V V E L L A D Q L T G V G V
A S M T * S N S S L T S S P V S G S

A V G G W G R P R R R V A R A Q G H
L W E A G A A R D G D F L V R K V T
W G S R G L R A T A T S C C A S S R

GGT CGG TGA GGC GGG GTC GGC GCG CCA GCG GCA GCT TGT CGT GCG CGA ACT GGC
43803 43812 43821 43830 43839 43848
CCA GCC ACT CCG CCC CAG CCG CGC GGT CGC CGT CGA ACA GCA CGC GCT TGA CCG

P A T P P Q P R G R R R T A R A * P
Q P L R P S R A V A V E Q H A L D R
S H S A P A A R S P S N S T R L T V

R G R H R R R G A Q G R E E P A R P
V G E T V D A G Q K V A N K L L V H
S A R P S T P A R S S R T R * S C T

ACT GCG GGA GCC ACT GCA GCC GCG GGA CGA ACT GGC GCA AGA AGT CCT CGT GCA
43857 43866 43875 43884 43893 43902
TGA CGC CCT CGG TGA CGT CGG CGC CCT GCT TGA CCG CGT TCT TCA GGA GCA CGT

* R P R * R R R P A * P R S S G A R
D A L G D V G A L L D R V L Q E H V
T P S V T S A P C L T A F F R S T W

R L R R P R G A L L P R R S R L D E
D F D D R D V Q W S R V D P G F I K
T S T T A T S R G P A S T P V S S R

CCA GCT TCA GCA GCG CCA GCT GGA CGG TCC TCG CCT GCA GCC CTG GCT TCT AGA
43911 43920 43929 43938 43947 43956
GGT CGA AGT CGT CGC GGT CGA CCT GCC AGG AGC GGA CGT CGG GAC CGA AGA TCT

G R S R R G R P A R S G R R D R R S
V E V V A V D L P G A D V G T E D L
S K S S R S T C Q E R T S G P K I F

A L R D G L G G Q G L A A A R R E Q
P W D I A W D E K G W R L L V G N K
R G T S R G T R R A G A C C C A T R

AGC CGG TCA GCT AGC GGG TCA GGA GGA ACG GGG TCG CGT CGT CGT GCG GCA AGA
43965 43974 43983 43992 44001 44010
TCG GCC AGT CGA TCG CCC AGT CCT CCT TGC CCC AGC GCA GCA GCA CGC CGT TCT

S A S R S P S P P C P S A A A R R S
R P V D R P V L L A P A Q Q H A V L
G Q S I A Q S S L P Q R S S T P F L

G H L R P L R G G G A R R R P R H H
V T Y G R S D V E E L A G V L D I I
S R T V A P T S R R W R A S S T S S

ACT GGC ACA TTG GCG CCC TCA GCT GGA GGA GGT CGC GCG GCT GCT CCA GCT ACT
44019 44028 44037 44046 44055 44064
TGA CCG TGT AAC CGC GGG AGT CGA CCT CCT CCA GCG CGC CGA CGA GGT CGA TGA

* P C N R G S R P P P A R R R G R *
D R V T A G V D L L Q R A D E V D D
T V * P R E S T S S A P T R S M M

H P V L L R D V R R H P L A P L D G
T R C S S A I S E G I H Y R P F T E
P A A R P P S R S A S T T A R S P R

ACC ACG CCG TGC TCC TCC GCT AGC TGA GCG GCT ACA CCA TCG CGC CCT TCC AGA
44073 44082 44091 44100 44109 44118
TGG TGC GGC ACG AGG AGG CGA TCG ACT CGC CGA TGT GGT AGC GCG GGA AGG TCT

W C G T R R R S T R R C G S A G R S
 G A A R G G D R L A D V V A R E G L
 V R H E E A I D S P M W * R G K V S

 T G I A E R V H R G Q Q A L L G G H
 R E L L K V S M G A K S L L S A A T
 G N W Y S * P C A P R A S C P P R R

 GGG CAA GGT TAT CGA AGT GCC TGT ACG GCC GGA ACG ACT CGT TCC TCC GGC GGC
 44127 44136 44145 44154 44163 44172
 CCC GTT CCA ATA GCT TCA CGG ACA TGC CGG CCT TGC TGA GCA AGG AGG CCG CCG

 P V P I A S R T C R P C * A R R P P
 P F Q * L H G H A G L A E Q G G R R
 R S N S F T D M P A L L S K E A A V

 I G G A W R R D R A S K Q V H L E G
 S G A P G G G I V L V K K S M S S G
 P D R R G V A S * S C K K P C P A G

 ACC TAG GGC GGC CGG GTG GCG GCT AGT GCT CGT GAA AAA ACC TGT ACC TCG AGG
 44181 44190 44199 44208 44217 44226
 TGG ATC CCG CCG GCC CAC CGC CGA TCA CGA GCA CTT TTT TGG ACA TGG AGC TCC

 W I P P A H R R S R A L F W T W S S
 G S R R P T A D H E H F F G H G A P
 D P A G P P P I T S T F L D M E L P

 S I I * T E R R P A N R I S I F M R
 V S L E P K V D R R (M) A S L F S C G H
 W Q Y N L N * T A A C Q P Y F H V D

 GGT GAC TAT TAA GTC CAA AGT GCA GCG CCG CGT AAC GCC TAT CTT TAC TTG TAG
 44235 44244 44253 44262 44271 44280
 CCA CTG ATA ATT CAG GTT TCA CGT CGC GGC GCA TTG CGG ATA GAA ATG AAC ATC

 P L I I Q V S R R G A L R I E M N I
 H * * F R F H V A A H C G * K * T S
 T D N S G F T S R R I A D R N E H P

 C P Y N H F V E G L T T A V S * H F
 A R T I T F Y K E S H L R S A R T S
 P V P L Q S I S R R T Y D R R E L P

 GCC GTG CCC ATT AAC ACT TTA TGA AGA GGC TCA CAT CAG CGC TGC GAG ATC ACC
 44289 44298 44307 44316 44325 44334
 CGG CAC GGG TAA TTG TGA AAT ACT TCT CCG AGT GTA GTC GCG ACG CTC TAG TGG

 R H G * L * N T S P S V V A T L * W
 G T G N C E I L L R V * S R R S S G
 A R V I V K Y F S E C S R D A L V E

 R * D K K M R S * T A D A E P N T G
 D R T R R * A R S H L M R K P I L A
 I E L G E E H A V I Y C G S R S * H

 TTA GAG ATC AGG AAG AAG TAC GCG CTG ATA CAT CGT AGG CGA AGC CCT AAT CAC

44343	44352	44361	44370	44379	44388
AAT CTC TAG TCC	TTC TTC ATG CGC	GAC TAT GTA GCA	TCC GCT TCG GGA	TTA GTG	
N L * S F F M R D Y V A S A S G L V	I S S P S S C A T M * H P L R D * C	S L V L L H A R L C S I R F G I S A			
L E A V T R Y L L T I P V R T S V S	S S R S R G T F S R S P F G R V S R	R A G R G D Q L P A H H S G A Y Q G			
GGC TCG AGG CGC TGG CAG GAC ATT TCC TCG CAC TAC CCT TGG GCG CAT GAC TGG	44397	44406	44415	44424	44433
CCG AGC TCC GCG ACC GTC CTG TAA AGG AGC GTG ATG GGA ACC CGC GTA CTG ACC					44442
P S S A T V L * R S V M G T R V L T	R A P R P S C K G A * W E P A Y * P	E L R D R P V K E R D G N P R T D R			
A C K L A E D G V A E D V Q R T R E	P A S S L K T E S P K M W K G P A N	L R V Q S S R R R R S * G S A P H T			
CTC CGC GTG AAC TCT CGA AGC AGA GGC TGC CGA AGT AGG TGA ACG GCC CAC GCA	44451	44460	44469	44478	44487
GAG GCG CAC TTG AGA GCT TCG TCT CCG ACG GCT TCA TCC ACT TGC CGG GTG CGT					44496
E A H L R A S S P T A S S T C R V R	R R T * E L R L R R L H P L A G C V	G A L E S F V S D G F I H L P G A F			
G R L E G F L R A G Q Q P P L Q V H	G A S S A S S A H A R S H R C S S M	G R P A R R L P T R G A T A A V P C			
AGG GGC GCC TCG AGC GGC TTC TCC GCA CGC GGG ACG ACA CCG CCG TTG ACC TGT	44505	44514	44523	44532	44541
TCC CCG CGG AGC TCG CCG AAG AGG CGT GCG CCC TGC TGT GGC GGC AAC TGG ACA					44550
S P R S S P K R R A P C C G G N W T	P R G A R R R G V R P A V A A T G H	P A E L A E E A C A L L W R Q L D M			
V G V V R G G P R P F H D P Q P H A	S G S S G A V Q V R S T T R S P T R	P G R R G P W R S A P L P G A P P A			
ACC TGG GGC TGC TGG GCC GGT GGA CCT GCG CCC TTC ACC AGG CCG ACC CCC ACG	44559	44568	44577	44586	44595
TGG ACC CCG ACG ACC CGG CCA CCT GGA CGC GGG AAG TGG TCC GGC TGG GGG TGC					44604
W T P T T R P P G R G K W S G W G C	G P R R P G H L D A G S G P A G G A	D P D D P A T W T R E V V R L G V R			
V V V H E Q A G G V G R R Q V G G V	S S S T N R R A A L V G V S C A A *				

```

R R R R T G A R R W C G S A A R R R
---
CGC TGC TGC TGC ACA AGG ACG CGC GGC GGT TGT GGG GCT GCG ACG TGC GGC GGA
    44613          44622          44631          44640          44649          44658
GCG ACG ACG ACG TGT TCC TGC GCG CCG CCA ACA CCC CGA CGC TGC ACG CCG CCT
---
A T T T C S C A P P T P R R C T P P
R R R R V P A R R Q H P D A A R R L
D D D V F L R A A N T P T L H A A Y
---
V L E G P L A P P L G S V C T P V N
S W S A P S P R H C G A S A P R C T
R G A R R P P G T A A R Q R L D A R
---
TGC TGG TCG AGC GGC CCC TCC CGG CCA CCG TCG GGC GAC TGC GTC CAG CCG TGC
    44667          44676          44685          44694          44703          44712
ACG ACC AGC TCG CCG GGG AGG GCC GGT GGC AGC CCG CTG ACG CAG GTC GGC ACG
---
T T S S P G R A G G S P L T Q V G T
R P A R R G G P V A A R * R R S A R
D Q L A G E G R W Q P A D A G R H V
---
G T R N G T V F R G S S V S S * P Q
G P A T E R S S A A R P S R P S R S
E R H P K G H R L P G L L G L V V A
---
AAG GGC CAC GCC AAA GGG CAC TGC TTC GCC GGG CTC CTC TGG CTC CTG ATG CCG
    44721          44730          44739          44748          44757          44766
TTC CCG GTG CGG TTT CCC GTG ACG AAG CGG CCC GAG GAG ACC GAG GAC TAC GGC
---
F P (V) R F P V T K R P E E T E D Y G
S R C G F P * R S G P R R P R T T A
P G A V S R D E A A R G D R G L R L
---
C M S A L K R A S S A S A S R S Q D
A C R R W S G P R P R P R R G P S T
P V D V G A E Q G L V R V G V P V P
---
ACC GTG TAG CTG CGG TCG AAG GAC CGG CTC CTG CGC CTG CGG CTG GCC CTG ACC
    44775          44784          44793          44802          44811          44820
TGG CAC ATC GAC GCC AGC TTC CTG GCC GAG GAC GCG GAC GCC GAC CGG GAC TGG
---
W H I D A S F L A E D A D A D R D W
G T S T P A S W P R T R T P T G T G
A H R R Q L P G R G R G R R P G L V
---
P S S S T I G G S * S L I K R * L T
R H A P R S G A P S R C S R G S C R
G T L Q V H D R R V V V L D E A V V
---
AGG CCA CTC GAC CTG CAC TAG GGC GGC CTG ATG CTG TTC TAG AAG GCG ATG TTG
    44829          44838          44847          44856          44865          44874
TCC GGT GAG CTG GAC GTG ATC CCG CCG GAC TAC GAC AAG ATC TTC CGC TAC AAC
---
S G E L D V I P P D Y D K I F R Y N
P V S W T * S R R T T R S S A T T
R * A G R D P A G L R Q D L P L Q R

```

H D R P R A S S S R S R N E S V P S
 T T G R G P A A A G A G T R P C R R
 H P G A A P R Q Q E Q E Q E R V G A

 CAC ACC AGG GCG CCG GCC CGC GAC GAC GAG GAC GAG GAC AAG AGC CTG TGG CCG
 44883 44892 44901 44910 44919 44928
 GTG TGG TCC CGC GGC CGG GCG CTG CTG CTC CTG CTC CTG TTC TCG GAC ACC GGC

 V W S R G R A L L L L L L F S D T G
 C G P A A G R C C S C S C S R T P A
 V V P R P G A A A P A P V L G H R R

 S S A G V S I R A P E W R S T G G S
 P P R A W A S G R R S G G P R A A A
 L L V R G R Q D A G A G V Q V H R R

 CTC CTC CTG CGC GGG TGC GAC TAG GCG CGG CCG AGG GTG GAC CTG CAC GGC GGC
 44937 44946 44955 44964 44973 44982
 GAG GAG GAC GCG CCC ACG CTG ATC CGC GCC GGC TCC CAC CTG GAC GTG CCG CCG

 E E D A P T L I R A G S H L D V P P
 R R T R P R * S A P A P T W T C R R
 G G R A H A D P R R L P P G R A A A

 S S G Y P A S P V * R S A P S T P R
 A P A T H R P P C R G P P R P P P V
 Q Q L R I A R L A G V Q L G P L H S

 GAC GAC CTC GGC ATA CCG CGC CTC CCG TGG ATG GAC CTC CGG CCC CTC CAC CCT
 44991 45000 45009 45018 45027 45036
 CTG CTG GAG CCG TAT GGC GCG GAG GGC ACC TAC CTG GAG GCC GGG GAG GTG GGA

 L L E P Y G A E G T Y L E A G E V G
 C W S R M A R R A P T W R P G R W D
 A G A V W R G G H L P G G R G G G T

 S R G S L D A V P F A P S A * R H W
 P G A A * T P W P S P R P R R D T G
 P V P R E P R G R P L G P V G I Q A

 GCC CTG GCC GGC GAG TCC AGC CGG TGC CCC TTC CGG CCC CTG CGG ATA GAC ACG
 45045 45054 45063 45072 45081 45090
 CGG GAC CGG CCG CTC AGG TCG GCC ACG GGG AAG GCC GGG GAC GCC TAT CTG TGC

 R D R P L R S A T G K A G D A Y L C
 G T G R S G R P R G R P G T P I C A
 G P A A Q V G H G E G R G R L S V P

 G K R T C V G T A L V P V R G R K M
 G R G P A C A P P W C R C G G A S *
 V G E Q H V R R H G V G A G A R A E

 GTG GGG AAG GAC CAC GTG TGC GGC CAC CGG TTG TGG CCG TGG GCG GGC GCG AAG
 45099 45108 45117 45126 45135 45144
 CAC CCC TTC CTG GTG CAC ACG CCG GTG GCC AAC ACC GGC ACC CGC CCG CGC TTC

H P F L V H T P V A N T G T R P R F
 T P S W C T R R W P T P A P A R A S
 P L P G A H A G G Q H R H P P A L H
 A W G F R S G T P C S S S S R G S P
 P G A S G A A R P A A R V R G A R R
 H G L R V Q Q G H P L E F E V P G V

 TAC CGG GTC GGC TTG GAC GAC GGG CAC CCC GTC GAG CTT GAG CTG GCC GGG CTG
 45153 45162 45171 45180 45189 45198
 ATG GCC CAG CCG AAC CTG CTG CCC GTG GGG CAG CTC GAA CTC GAC CGG CCC GAC

 M A Q P N L L P V G Q L E L D R P D
 W P S R T C C P W G S S N S T G P T
 G P A E P A A R G A A R T R P A R R
 R Y V G T S C A T R R P R P L S M G
 A T C G P R A P L A G P G P C P C V
 P P V G R D L L C H A P A Q A L V Y

 CCC GCC ATG TGG GGC CAG CTC GTC CGT CAC GCG GCC CCG GAC CCG TTC CTG TAT
 45207 45216 45225 45234 45243 45252
 GGG CGG TAC ACC CCG GTC GAG CAG GCA GTG CGC CGG GGC CTG GGC AAG GAC ATA

 G R Y T P V E Q A V R R G L G K D I
 G G T P R S S R Q C A G A W A R T Y
 A V H P G R A G S A P G P G Q G H T
 R R S P R H R S P P S A P R P A G R
 A V L P G T V L H R L L L G H R G G
 R S S L A P S S I A S F C A T A G G

 GGC GCT GCT CTC CCG GCC ACT GCT CTA CCG CCT CTT CGT CCG GCA CCG CGG GGG
 45261 45270 45279 45288 45297 45306
 CCG CGA CGA GAG GGC CGG TGA CGA GAT GGC GGA GAA GCA GGC CGT GGC GCC CCC

 P R R E G R * R D G G E A G R G A P
 R D E R A G D E M A E K Q A V A P P
 A T R G P V T R W R R S R P W R P P
 S P G S G A P T R R F P W G P R P G
 P R V Q D P Q H E A S H G G L D H A
 Q V S R I R S T N P P I A V W T T P

 GAC CTG CCT GGA CTA GGC CGA CCA CAA GCC GCC TTA CCG GTG GGT CCA GCA CCC
 45315 45324 45333 45342 45351 45360
 CTG GAC GGA CCT GAT CCG GCT GGT GTT CGG CGG AAT GGC CAC CCA GGT CGT GGG

 L D G P D P A G V R R N G H P G R G
 W T D L I R L V F G G M A T Q V V G
 G R T * S G W C S A E W P P R S W A
 P P A A A A A R R S R P P R V S R R
 Q R H P Q P Q G V R D P L A F P G G
 R A T R S R S G S A I P S P S R V A

 GGA CCG CCA CGC CGA CGC CGA CGG GCT GCG CTA GCC CCT CCC GCT TGC CTG GCG

45369 45378 45387 45396 45405 45414
 CCT GGC GGT GCG GCT GCG GCT GCC CGA CGC GAT CGG GGA GGG CGA ACG GAC CGC

 P G G A A A A R R D R G G R T D R
 L A V R L R L P D A I G E G E R T A
 W R C G C G C P T R S G R A N G P P

 R A P R R S R S R V R Q W S G A T A
 V P Q G G V E L A F G S G H V P Q Q
 S P S A A S K S L S G A A M F R S N

 GCT GCC CGA CCG GCG GCT GAA GCT CTC GCT TGG GCG ACG GTA CTT GGC CGA CAA
 45423 45432 45441 45450 45459 45468
 CGA CGG GCT GGC CGC CGA CTT CGA GAG CGA ACC CGC TGC CAT GAA CCG GCT GTT

 R R A G R R L R E R T R C H E P A V
 D G L A A D F E S E P A A M N R L L
 T G W P P T S R A N P L P * T G C C

 R G P R A R L A A R T W A R R T R G
 A A Q G R E S H Q A L G L G A H E G
 R P R A A S P T S R S D L G P T N A

 CGC GCC GGA CCG GCG CGA GCC TCA CGA CGC GCT CAG GTT CGG GCC GCA CAA GCG
 45477 45486 45495 45504 45513 45522
 GCG CGG CCT GGC CGC GCT CGG AGT GCT GCG CGA GTC CAA GCC CGG CGT GTT CGC

 A R P G R A R S A A R V Q A R R V R
 R G L A A L G V L R E S K P G V F A
 A A W P R S E C C A S P S P A C S P

 S V P R P V A D R R G S A T R G S V
 Q C R D P F Q T A G V A R R G E V *
 R V G T P S S R R A S R E G D K W E

 GGA CTG TGG CCA GCC CCT TGA CGC AGC GCG GCT GGC GAG CGG CAG GAA GGT GAG
 45531 45540 45549 45558 45567 45576
 CCT GAC ACC GGT CGG GGA ACT GCG TCG CGC CGA CCG CTC GCC GTC CTT CCA CTC

 P D T G R G T A S R R P L A V L P L
 L T P V G E L R R A D R S P S F H S
 * H R S G N C V A P T A R R P S T H

 P G S A * R D R P R S P R A A G P G
 Q G P H E G I G R D R R G P L V Q V
 S A R I S V S G A T A V A Q C C R S

 TGA CCG GGC CTA CGA GTG GCT AGG GCG CCA GCG CTG CCG GAC CGT CGT GGA CCT
 45585 45594 45603 45612 45621 45630
 ACT GGC CCG GAT GCT CAC CGA TCC CGC GGT CGC GAC GGC CTG GCA GCA CCT GGA

 T G P D A H R S R G R D G L A A P G
 L A R M L T D P A V A T A W Q H L D
 W P G C S P I P R S R R P G S T W T

 C R G C R R G P R R G R R R G P S R
 V A D A G A A R G E V V D E A P V E

W	L	T	R	V	P	P	G	A	K	S	W	T	K	P	R	S	K
GGT	GTC	GCA	GGC	GTG	GCC	GCC	GGG	CCG	GAA	GCT	GGT	GCA	GAA	GCC	GGC	CCT	GAA
	45639			45648			45657			45666			45675			45684	
CCA	CAG	CGT	CCG	CAC	CGG	CGG	CCC	GGC	CTT	CGA	CCA	CGT	CTT	CGG	CCG	GGA	CTT
P	Q	R	P	H	R	R	P	G	L	R	P	R	L	R	P	G	L
H	S	V	R	T	G	G	P	A	F	D	H	V	F	G	R	D	F
T	A	S	A	P	A	A	R	P	S	T	T	S	S	A	G	T	S
R	T	G	P	P	R	G	R	G	T	T	A	R	C	R	P	S	S
E	R	V	Q	R	V	V	G	V	Q	R	P	E	V	V	R	R	H
K	A	Y	R	A	S	S	G	S	R	D	H	S	*	L	A	A	I
GAA	GCG	CAT	GGA	CCG	CCT	GCT	GGG	GCT	GGA	CAG	CAC	CGA	GAT	GTT	GCG	CCG	CTA
	45693			45702			45711			45720			45729			45738	
CTT	CGC	GTA	CCT	GGC	GGA	CGA	CCC	CGA	CCT	GTC	GTG	GCT	CTA	CAA	CGC	GGC	GAT
L	R	V	P	G	G	R	P	R	P	V	V	A	L	Q	R	G	D
F	A	Y	L	A	D	D	P	D	L	S	W	L	Y	N	A	A	M
S	R	T	W	R	T	T	P	T	C	R	G	S	T	T	R	R	*
G	P	C	R	H	S	R	R	G	P	R	P	A	G	P	S	R	R
A	L	A	G	T	P	D	G	A	Q	D	R	R	V	L	V	E	G
L	W	P	V	P	P	I	A	P	R	T	A	A	C	W	S	K	E
CTC	GGT	CCC	GTG	GCC	ACC	CTA	GCG	GCC	GGA	CCA	GCG	CCG	CGT	GGT	CCT	GAA	GAG
	45747			45756			45765			45774			45783			45792	
GAG	CCA	GGG	CAC	CGG	TGG	GAT	CGC	CGG	CCT	GGT	CGC	GGC	GCA	CCA	GGA	CTT	CTC
E	P	G	H	R	W	D	R	R	P	G	R	G	A	P	G	L	L
S	Q	G	T	G	G	I	A	G	L	V	A	A	H	Q	D	F	S
A	R	A	P	V	G	S	P	A	W	S	R	R	T	R	T	S	P
R	G	C	R	P	P	R	R	P	R	P	R	S	A	A	P	R	P
A	D	A	G	H	H	V	D	P	A	P	V	P	R	Q	Q	G	R
P	T	R	V	T	T	S	T	P	P	P	S	P	V	S	S	A	A
GCC	GCA	GGC	GTG	GCA	CCA	CCT	GCA	GCC	CCC	GCC	CCT	GCC	CTG	CGA	CGA	CCG	GCG
	45801			45810			45819			45828			45837			45846	
CGG	CGT	CCG	CAC	CGT	GGT	GGA	CGT	CGG	GGG	CGG	GGA	CGG	GAC	GCT	GCT	GGC	CGC
R	R	P	H	R	G	G	R	R	G	R	G	R	D	A	A	G	R
G	V	R	T	V	V	D	V	G	G	G	D	G	T	L	L	A	A
A	S	A	P	W	W	T	S	G	A	G	T	G	R	C	W	P	R
A	A	R	A	G	R	A	A	R	R	A	T	R	S	P	P	R	P
H	Q	A	R	V	G	R	Q	A	A	H	Q	V	V	R	R	G	P
T	S	R	A	C	G	E	S	R	P	T	S	Y	S	E	A	A	P
CCA	CGA	CGC	GCG	CGT	GGG	GAG	CGA	CGC	GCC	GCA	CGA	CAT	GCT	GAG	CCG	CCG	GCC
	45855			45864			45873			45882			45891			45900	
GGT	GCT	GCG	CGC	GCA	CCC	CTC	GCT	GCG	CGG	CGT	GCT	GTA	CGA	CTC	GGC	GGC	CGG
G	A	A	R	A	P	L	A	A	R	R	A	V	R	L	G	G	R
V	L	R	A	H	P	S	L	R	G	V	L	Y	D	S	A	A	G
C	C	A	R	T	P	R	C	A	A	C	C	T	T	R	R	P	G

R A P R P P A P P P P R R P G R P P
D R L G P L H Q R R R A D R V A R H
T A C A P S T S A A A P T A S R A T

CCA GCG CGT CCG GCC CCT CCA CGA CCG CCG CCG CCC GCA GCG CCT GGC GCG CCA
45909 45918 45927 45936 45945 45954
GGT CGC GCA GGC CGG GGA GGT GCT GGC GGC GGC GGG CGT CGC GGA CCG CGC GGT

G R A G R G G A G G G G R R G P R G
V A Q A G E V L A A A G V A D R A V
S R R P G R C W R R R A S R T A R W

P R R S R R R R V R P R H G R G A *
L G A V E E G G Y G L A T V E V Q E
S A P S K K A A T G S P P S R * R S

CCT CCG GCC GCT GAA GAA GCG GCG GCA TGG GCT CCC GCC ACT GGA GAT GGA CGA
45963 45972 45981 45990 45999 46008
GGA GGC CGG CGA CTT CTT CGC CGC CGT ACC CGA GGG CGG TGA CCT CTA CCT GCT

G G R R L L R R R T R G R * P L P A
E A G D F F A A V P E G G D L Y L L
R P A T S S P P Y P R A V T S T C S

S R R G H S P P R A P R S S E P A S
L A D D M A P L V L P G R P N Q R V
L L T T W P Q S S S R A A L I R A C

GTT CTC GCA GCA GGT ACC GAC CCT CCT GCT CGC CCG GCG CTC CTA AGA CCG CGT
46017 46026 46035 46044 46053 46062
CAA GAG CGT CGT CCA TGG CTG GGA GGA CGA GCG GGC CGC GAG GAT TCT GGC GCA

Q E R R P W L G G R A G R E D S G A
K S V V H G W E D E R A A R I L A H
R A S S M A G R T S G P R G F W R T

G G P V A P A R G S R * P R A G A A
A A P C Q R R V A P D D H D L V Q Q
Q R R A S G A C P R I T M T S C R S

GAC GGC GGC CCG TGA CGG CCG CGT GCC GGC CTA GCA GTA CCA GCT CGT GGA CGA
46071 46080 46089 46098 46107 46116
CTG CCG CCG GGC ACT GCC GGC GCA CGG CCG GAT CGT CAT GGT CGA GCA CCT GCT

L P P G T A G A R P D R H G R A P A
C R R A L P A H G R I V M V E H L L
A A G H C R R T A G S S W S S T C C

R C P A R P R R A S S R G * R G * G
G V R H G R V G H R R G V E V V E V
G S V T G A S A T G V V * R L S R L

CGG GCT GTG CCA CGG GCG CCT GCG GCA CGG CTG CTG GAT GGA GTT GCT GGA GTT
46125 46134 46143 46152 46161 46170
GCC CGA CAC GGT GCC CGC GGA CGC CGT GCC GAC GAC CTA CCT CAA CGA CCT CAA

A R H G A R G R R A D D L P Q R P Q
P D T V P A D A V P T T Y L N D L N
P T R C P R T P C R R P T S T T S T

A P * R C R A P A C A H R S R V A R
Q Q D V A V P Q L A R T A V E F L E
R S T L P L P S S R V R P S K S C S

GGA CGA CCA GTT GCC GTT GCC CGA CCT CGC GTG CGC ACC GCT GAA GCT TGT CGA
46179 46188 46197 46206 46215 46224
CCT GCT GGT CAA CGG CAA CGG GCT GGA GCG CAC GCG TGG CGA CTT CGA ACA GCT

P A G Q R Q R A G A H A W R L R T A
L L V N G N G L E R T R G D F E Q L
C W S T A T G W S A R V A T S N S S

R P P P G S P R L P * A A P R F R G
A R R R A Q R D F R D R R Q G S G V
Q A A A P R V T S A T V G S A P V S

GAC GCG CCG CCG CCC GGA CTG CCA GCT TCG CCA GTG CGG CGA CCG GCC TTG GCT
46233 46242 46251 46260 46269 46278
CTG CGC GGC GGC GGG CCT GAC GGT CGA AGC GGT CAC GCC GCT GGC CGG AAC CGA

L R G G G P D G R S G H A A G R N R
C A A A G L T V E A V T P L A G T D
A R R R A * R S K R S R R W P E P T

T A S R P R A R K P Q G A R S L P G
Q P Q D L G H G S R S V R E A S R G
R H S I S A T G A E A S G S P Q A A

GGA CAC CGA CTA GCT CCG GCA CGG GCG AAG CCG ACT GGG CGA GCC GAC TCG CCG
46287 46296 46305 46314 46323 46332
CCT GTG GCT GAT CGA GGC CGT GCC CGC TTC GGC TGA CCC GCT CGG CTG AGC GGC

P V A D R G R A R F G * P A R L S G
L W L I E A V P A S A D P L G * A A
C G * S R P C P L R L T R S A E R P

E P F K V T S P L R M A P D P R I T
K R S N * R A R S G * Q P I P G F P
R G P I E G H E P A E N R S R A S H

GGA AGG CCC TTA AAG TGG CAC GAG CCC TCG GAG TAA CGC CCT AGC CCG GCT TAC
46341 46350 46359 46368 46377 46386
CCT TCC GGG AAT TTC ACC GTG CTC GGG AGC CTC ATT GCG GGA TCG GGC CGA ATG

P S G N F T V L G S L I A G S G R M
L P G I S P C S G A S L R D R A E W
F R E F H R A R E P H C G I G P N G

T G D L L P R * H I * * V A Q A F L
R G M W C P V S T F E S Y Q K R S C
D D W G A L S A L S N V I S S A R V

CAG CAG GGT AGG TCG TTC CCT GCG ATC ACT TAA GTG ATA TGA CGA ACG CGC TTG

	46395		46404		46413		46422		46431		46440						
GTC	GTC	CCA	TCC	AGC	AAG	GGA	CGC	TAG	TGA	ATT	CAC	TAT	ACT	GCT	TGC	GCG	AAC

V	V	P	S	S	K	G	R	*	*	I	H	Y	T	A	C	A	N
S	S	H	P	A	R	D	A	S	E	F	T	I	L	L	A	R	T
R	P	I	Q	Q	G	T	L	V	N	S	L	Y	C	L	R	E	Q

S	K	G	P	S	K	G	Y	R	K	R	H	S	A	I	R	M	I
H	N	V	Q	A	R	G	T	G	N	G	T	V	P	S	V	C	*
T	I	*	R	P	E	E	R	V	T	E	P	S	Q	R	Y	A	N

TCA	CTA	AAT	GGA	CCC	GAG	AAG	GGC	ATG	GCA	AAG	GCC	ACT	GAC	CGC	TAT	GCG	TAA
	46449			46458			46467			46476			46485			46494	
AGT	GAT	TTA	CCT	GGG	CTC	TTC	CCG	TAC	CGT	TTC	CGG	TGA	CTG	GCG	ATA	CGC	ATT

S	D	L	P	G	L	F	P	Y	R	F	R	*	L	A	I	R	I
V	I	Y	L	G	S	S	R	T	V	S	G	D	W	R	Y	A	L
*	F	T	W	A	L	P	V	P	F	P	V	T	G	D	T	H	Y

*	P	Q	S	I	I	R	D	L	R	A	S	M	V	P	I	V	P
E	R	S	P	S	S	E	T	*	A	L	A	*	*	P	F	*	Q
N	V	A	P	L	H	N	Q	R	P	S	R	E	N	R	S	D	S

TAA	GTG	CCG	ACC	CTC	TAC	TAA	GAC	AGA	TCC	GCT	CGC	GAG	TAA	TGC	CCT	TAG	TGA
	46503			46512			46521			46530			46539			46548	
ATT	CAC	GGC	TGG	GAG	ATG	ATT	CTG	TCT	AGG	CGA	GCG	CTC	ATT	ACG	GGA	ATC	ACT

I	H	G	W	E	(M)	I	L	S	R	R	A	L	I	T	G	I	T
F	T	A	G	R	*	F	C	L	G	E	R	S	L	R	E	S	L
S	R	L	G	D	D	S	V	*	A	S	A	H	Y	G	N	H	W

W	S	P	V	*	R	A	R	*	S	M	S	D	P	Y	S	T	K
G	P	H	C	K	G	R	A	D	V	*	R	I	R	I	H	L	R
A	L	I	A	S	V	E	R	T	L	E	D	F	G	S	I	F	D

CCG	GTC	CTA	CCG	TGA	ATG	GAG	CGC	GCA	GTT	GAG	TAG	CTT	AGG	CCT	ATA	CTT	CAG
	46557			46566			46575			46584			46593			46602	
GGC	CAG	GAT	GGC	ACT	TAC	CTC	GCG	CGT	CAA	CTC	ATC	GAA	TCC	GGA	TAT	GAA	GTC

G	Q	D	G	T	Y	L	A	R	Q	L	I	E	S	G	Y	E	V
A	R	M	A	L	T	S	R	V	N	S	S	N	P	D	M	K	S
P	G	W	H	L	P	R	A	S	T	H	R	I	R	I	*	S	L

P	I	T	R	P	C	P	R	G	Y	A	R	S	P	R	G	R	C
R	F	P	A	R	A	P	G	A	T	H	G	R	R	D	A	G	A
E	S	H	H	A	P	L	A	P	R	I	G	A	V	T	P	G	Q

AAG	CCT	TAC	CAC	GCG	CCC	GTC	CCG	GCC	GGC	ATA	CGG	GCG	CTG	CCA	GCC	GGG	GAC
	46611			46620			46629			46638			46647			46656	
TTC	GGA	ATG	GTG	CGC	GGG	CAG	GGC	CGG	CCG	TAT	GCC	CGC	GAC	GGT	CGG	CCC	CTG

F	G	M	V	R	G	Q	G	R	P	Y	A	R	D	G	R	P	L
S	E	W	C	A	G	R	A	G	R	M	P	A	T	V	G	P	C
R	N	G	A	R	A	G	P	A	V	C	P	R	R	S	A	P	A

G	S	M	R	T	T	L	P	S	K	S	S	W	V	L	R	I	A
G	P	C	G	L	P	S	R	R	S	A	P	G	S	S	G	S	R

E3

V	R	V	D	S	H	H	A	A	V	Q	Q	V	L	R	A	Q	D
GTG	GGC	CTG	TAG	GCT	CAC	CAC	TCG	CCG	CTG	AAC	GAC	CTG	GTC	TGC	TCG	GAC	TAG
	46665			46674			46683			46692			46701			46710	
CAC	CCG	GAC	ATC	CGA	GTG	GTG	AGC	GGC	GAC	TTG	CTG	GAC	CAG	ACG	AGC	CTG	ATC
H	P	D	I	R	V	V	S	G	D	L	L	D	Q	T	S	L	I
T	R	T	S	E	W	*	A	A	T	C	W	T	R	R	A	*	S
P	G	H	P	S	G	E	R	R	L	A	G	P	D	E	P	D	R
A	T	S	C	D	Q	G	V	S	I	*	L	R	P	A	R	D	N
Q	Q	R	A	T	R	G	W	R	S	R	C	G	R	R	G	T	T
S	S	D	L	L	G	A	G	G	L	D	V	V	E	A	G	Q	R
CGA	CGA	CAG	CTC	GTC	AGG	ACG	GGG	TGG	CTC	TAG	ATG	TTG	GAG	CCG	CGG	GAC	AGC
	46719			46728			46737			46746			46755			46764	
GCT	GCT	GTC	GAG	CAG	TCC	TGC	CCC	ACC	GAG	ATC	TAC	AAC	CTC	GGC	GCC	CTG	TCG
A	A	V	E	Q	S	C	P	T	E	I	Y	N	L	G	A	L	S
L	L	S	S	S	P	A	P	P	R	S	T	T	S	A	P	C	R
C	C	R	A	V	L	P	H	R	D	L	Q	P	R	R	P	V	V
T	G	T	E	Q	F	C	G	V	T	A	A	S	T	V	P	L	P
R	G	P	R	R	S	A	A	W	R	Q	R	P	P	S	R	C	P
E	D	R	D	G	P	L	L	G	G	N	G	R	L	H	G	A	L
AAG	CAG	GGC	CAG	AGG	ACC	TTC	GTC	GGG	TGG	CAA	CGG	CGC	CTC	CAC	TGG	CCG	TTC
	46773			46782			46791			46800			46809			46818	
TTC	GTC	CCG	GTC	TCC	TGG	AAG	CAG	CCC	ACC	GTT	GCC	GCG	GAG	GTG	ACC	GGC	AAG
F	V	P	V	S	W	K	Q	P	T	V	A	A	E	V	T	G	K
S	S	R	S	P	G	S	S	P	P	L	P	R	R	*	P	A	R
R	P	G	L	L	E	A	A	H	R	C	R	G	G	D	R	Q	G
T	S	R	I	S	S	A	M	R	M	V	A	P	S	L	L	E	R
H	A	A	S	A	P	P	W	G	C	*	P	P	A	*	C	N	G
T	H	Q	P	H	Q	L	G	D	A	D	R	R	P	E	A	T	G
CCA	CAC	GAC	GCC	TAC	GAC	CTC	CGG	TAG	GCG	TAG	TGC	CGC	CCC	GAG	TCG	TCA	AGG
	46827			46836			46845			46854			46863			46872	
GGT	GTG	CTG	CGG	ATG	CTG	GAG	GCC	ATC	CGC	ATC	ACG	GCG	GGG	CTC	AGC	AGT	TCC
G	V	L	R	M	L	E	A	I	R	I	T	A	G	L	S	S	S
V	C	C	G	C	W	R	P	S	A	S	R	R	G	S	A	V	P
C	A	A	D	A	G	G	H	P	H	H	G	G	A	Q	Q	F	P
V	V	L	L	P	T	G	R	K	*	*	A	E	V	E	S	I	N
S	W	W	C	R	R	G	A	S	R	D	P	R	W	R	P	S	T
P	G	G	A	A	A	D	R	A	E	I	L	G	G	G	R	L	H
GCC	TGG	TGG	TCG	TCG	CCG	CAG	GGC	GCG	AAG	ATA	GTC	CGG	AGG	TGG	AGC	CTC	TAC
	46881			46890			46899			46908			46917			46926	
CGG	ACC	ACC	AGC	AGC	GGC	GTC	CCG	CGC	TTC	TAT	CAG	GCC	TCC	ACC	TCG	GAG	ATG
R	T	T	S	S	G	V	P	R	F	Y	Q	A	S	T	S	E	M
G	P	P	A	A	A	S	R	A	S	I	R	P	P	P	R	R	C
D	H	Q	Q	R	R	P	A	L	L	S	G	L	H	L	G	D	V

P F T R S D G C L S A V G K W G R L
 R F P A P T G A S R P W A R G G A C
 E S L H P L G R L A L G R G E V R A

 AAG CCT TTC CAC GCC CTC AGG GGC GTC TCG CTC CGG TGC GGG AAG GTG GGC GCG
 46935 46944 46953 46962 46971 46980
 TTC GGA AAG GTG CGG GAG TCC CCG CAG AGC GAG GCC ACG CCC TTC CAC CCG CGC

 F G K V R E S P Q S E A T P F H P R
 S E R C G S P R R A R P R P S T R A
 R K G A G V P A E R G H A L P P A Q

 G * P T A L A N P C * M T C F * R S
 G R R P P W P T R A S C P A S S G R
 A G V P H G L R E P V V H H L V V A

 TCG GGG ATG CCC CAC CGG TTC CGC AAG CCC GTG ATG TAC CAC GTC TTG ATG GCG
 46989 46998 47007 47016 47025 47034
 AGC CCC TAC GGG GTG GCC AAG GCG TTC GGG CAC TAC ATG GTG CAG AAC TAC CGC

 S P Y G V A K A F G H Y M V Q N Y R
 A P T G W P R R S G T T W C R T T A
 P L R G G Q G V R A L H G A E L P R

 D Y P I N A T L P I R N L W S D G I
 T T R S T R P * R S G T * G R T V S
 L R V P H E R D A P D Q E V V L * R

 CTC AGC ATG CCC TAC AAG CGC CAG TCG CCC TAG GAC AAG TTG GTG CTC AGT GGC
 47043 47052 47061 47070 47079 47088
 GAG TCG TAC GGG ATG TTC GCG GTC AGC GGG ATC CTG TTC AAC CAC GAG TCA CCG

 E S Y G M F A V S G I L F N H E S P
 S R T G C S R S A G S C S T T S H R
 V V R D V R G Q R D P V Q P R V T D

 R P G S N T V R L T D S P T A A T F
 G P G P T R * A C P T A R P P R R S
 D P A R L E D R A L H R E P H G G H

 TAG GCC CCG GGC CTC AAG CAG TGC GCG TTC CAC AGC GAG CCC CAC CGG CGG CAC
 47097 47106 47115 47124 47133 47142
 ATC CGG GGC CCG GAG TTC GTC ACG CGC AAG GTG TCG CTC GGG GTG GCC GCC GTG

 I R G P E F V T R K V S L G V A A V
 S G A R S S S R A R C R S G W P P *
 P G P G V R H A Q G V A R G G R R E

 S P R I S L S R S P L R S A S R S Q
 A P G S P C A G A P C G P P P V R S
 L Q A Q H V L E P Q A V Q L R F A V

 TTC GAC CCG GAC TAC CTG TTC GAG GCC GAC CCG TTG GAC CTC CGC CTT GCG CTG
 47151 47160 47169 47178 47187 47196
 AAG CTG GGC CTG ATG GAC AAG CTC CGG CTG GGC AAC CTG GAG GCG GAA CGC GAC

K L G L M D K L R L G N L E A E R D
 S W A * W T S S G W A T W R R N A T
 A G P D G Q A P A G Q P G G G T R L

 P K A P S * T R P M V I I S A W S S
 P S R L P S R A R C S S S A R G P R
 P A E C P V V H A A H R H H E G L V

 ACC CCG AAG CGT CCC CTG ATG CAC GCG CCG TAC TGC TAC TAC GAG CGG GTC CTG
 47205 47214 47223 47232 47241 47250
 TGG GGC TTC GCA GGG GAC TAC GTG CGC GGC ATG ACG ATG ATG CTC GCC CAG GAC

 W G F A G D Y V R G M T M M L A Q D
 G A S Q G T T C A A * R * C S P R T
 G L R R G L R A R H D D D A R P G R

 G S S R T R P V P I V W R T R S R T
 A P P G R G R C R S * G G P A R D P
 L R L V E D E A G P D G V P H A I Q

 CTC GGC CTC CTG GAG CAG GAG CCG TGG CCC TAG TGG GTG GCC CAC GCG CTA GAC
 47259 47268 47277 47286 47295 47304
 GAG CCG GAG GAC CTC GTC CTC GGC ACC GGG ATC ACC CAC CGG GTG CGC GAT CTG

 E P E D L V L G T G I T H R V R D L
 S R R T S S S A P G S P T G C A I W
 A G G P R P R H R D H P P G A R S G

 S K A K A C T P S S Q R S W T S T S
 P N R R R A R R A P S A R G R P P P
 H I E G E R V D P Q V P A V V H L H

 CAC CTA AAG CGG AAG CGC GTG CAG CCC GAC CTG ACC GCG CTG GTG CAC CTC CAC
 47313 47322 47331 47340 47349 47358
 GTG GAT TTC GCC TTC GCG CAC GTC GGG CTG GAC TGG CGC GAC CAC GTG GAG GTG

 V D F A F A H V G L D W R D H V E V
 W I S P S R T S G W T G A T T W R W
 G F R L R A R R A G L A R P R G G G

 E R S S R G A S T S S S Q A S R L R
 S G A A A G P P P P V A R R R G S G
 V G P Q Q A R R L H F Q E A G V Q A

 CTG AGG GCC GAC GAC GCG GGC CGC CTC CAC CTT GAC GAG ACG CGG CTG GAC TCG
 47367 47376 47385 47394 47403 47412
 GAC TCC CGG CTG CTG CGC CCG GCG GAG GTG GAA CTG CTC TGC GCC GAC CTG AGC

 D S R L L R P A E V E L L C A D L S
 T P G C C A R R R W N C S A P T * A
 L P A A A P G G G T A L R R P E P

 A R C F S P Q F G S T E N S S S T A
 R E A S A R S S A R P R T R P V P R
 A S P L L E A P L G L D R E L F Q D

 GCG CGA GCC GTC TTC GAG CCG ACC TTC GGG CTC CAG AGC AAG CTC CTT GAC CAG

47421 47430 47439 47448 47457 47466
 CGC GCT CGG CAG AAG CTC GGC TGG AAG CCC GAG GTC TCG TTC GAG GAA CTG GTC

 R A R Q K L G W K P E V S F E E L V
 A L G R S S A G S P R S R S R N W S
 R S A E A R L E A R G L V R G T G R

 M I T S L S R R R S V S L S S A A P
 W S P R C R G A G A * R C H P R R R
 G H H D V A V Q A Q E G V T L V G G

 CGG TAC TAC CAG CTG TCG CTG GAC GCG GAC GAG TGG CTG TCA CTC CTG CGG CGG
 47475 47484 47493 47502 47511 47520
 GCC ATG ATG GTC GAC AGC GAC CTG CGC CTG CTC ACC GAC AGT GAG GAC GCC GCC

 A M M V D S D L R L L T D S E D A A
 P * W S T A T C A C S P T V R T P P
 H D G R Q R P A P A H R Q * G R R R

 S A T R S C A P R H H A E R C A L D
 R P R E R V P R D T T L R G A P W T
 A L G N E F L G T Q P S G G P L G P

 CCG CTC CGG CAA GAG CTT GTC CGG CCA GAC ACC ACT CGG AGG GCC GTC CGG TCC
 47529 47538 47547 47556 47565 47574
 GGC GAG GCC GTT CTC GAA CAG GCC GGT CTG TGG TGA GCC TCC CGG CAG GCC AGG

 G E A V L E Q A G L W * A S R Q A R
 A R P F S N R P V C G E P P G R P G
 R G R S R T G R S V (V) S L P A G Q V S

 A A E C S C S G E G R L R V Q R V D
 P P R A R A R A R G E S A Y R D S T
 R R G R V L V L G G R P P T G T P R

 AGC CGC CGG AGC GTG CTC GTG CTC GGG AGG GGA GCC TCC GCA TGG ACA GCC TGC
 47583 47592 47601 47610 47619 47628
 TCG GCG GCC TCG CAC GAG CAC GAG CCC TCC CCT CGG AGG CGT ACC TGT CGG ACG

 S A A S H E H E P S P R R R T C R T
 R R P R T S T S P P L G G V P V G R
 G G L A R A R A L P S E A Y L S D V

 G T R L E D V P E G P A G G G R L A
 A P A S N M S Q N A R H E A A A C H
 R R H P T * R S T R G T S R R R A T

 AGC GGC CAC GCC TCA AGT AGC TGA CCA AGC GGG CCA CGA GGC GGC GGC GCG TCA
 47637 47646 47655 47664 47673 47682
 TCG CCG GTG CGG AGT TCA TCG ACT GGT TCG CCC GGT GCT CCG CCG CCG CGC AGT

 S P V R S S S T G S P G A P P P R S
 R R C G V H R L V R P V L R R R A V
 A G A E F I D W F A R C S A A A Q C

 P H R P R R Q G L Q P S P P E V G V
 R T V R A G S V S S R R H R N S A S

G P S A P A A S R A A A I A T R R R
 CGG CCC ACT GCG CCC GCG GCG ACT GGC TCG ACG CCG CTA CCG CCA AGC TGC GGC
 47691 47700 47709 47718 47727 47736
 GCC GGG TGA CGC GGG CGC CGC TGA CCG AGC TGC GGC GAT GGC GGT TCG ACG CCG
 A G * R G R R * P S C G D G G S T P
 P G D A G A A D R A A A M A V R R R
 R V T R A P L T E L R R W R F D A D
 R S V E R V L G S G E E G D L A Q P
 V P F R A C S D P A K K A T S P R R
 C P F G R A R T R L R R R R R P G A
 TGT GCC CTT TGG AGC GCG TGC TCA GGC CTC GGA AGA AGC GGC AGC TCC CGG ACG
 47745 47754 47763 47772 47781 47790
 ACA CGG GAA ACC TCG CGC ACG AGT CCG GAG CCT TCT TCG CCG TCG AGG GCC TGC
 T R E T S R T S P E P S S P S R A C
 H G K P R A R V R S L L R R R G P A
 T G N L A H E S G A F F A V E G L R
 H A G T V P R D G L P A L G D D V L
 T R V L * P G T G S H L W G M M L W
 P A C W N R A P G R T S G A W * * G
 CCC ACG CGT GGT CAA TGC CCG GCC AGG GGC TCA CCT CGG TCG GGT AGT AGT TGG
 47799 47808 47817 47826 47835 47844
 GGG TGC GCA CCA GTT ACG GGC CGG TCC CCG AGT GGA GCC AGC CCA TCA TCA ACC
 G C A P V T G R S P S G A S P S S T
 G A H Q L R A G P R V E P A H H Q P
 V R T S Y G P V P E W S Q P I I N Q
 R L D A D E A H Q D L L D V A N R V
 G S I P M R P M S T L S T S P T G C
 A P S R C G R C A P * P P R R R E A
 TCG GCC TCT AGC CGT AGG AGC CGT ACG ACC AGT TCC TCC AGC TGC CGC AAG GCG
 47853 47862 47871 47880 47889 47898
 AGC CGG AGA TCG GCA TCC TCG GCA TGC TGG TCA AGG AGG TCG ACG GCG TTC CGC
 S R R S A S S A C W S R R S T A F R
 A G D R H P R H A G Q G G R R R S A
 P E I G I L G M L V K E V D G V P H
 A E H L G L D L G A V V V A D L Q R
 Q R T C A L I S G P L W L R M W S D
 S G R A P W S R A R C G C G C G A T
 TGA CGG AGC ACG TCC GGT TCT AGC TCG GGC CGT TGG TGT TGG CGT AGG TCG ACA
 47907 47916 47925 47934 47943 47952
 ACT GCC TCG TGC AGG CCA AGA TCG AGC CCG GCA ACC ACA ACC GCA TCC AGC TGT
 T A S C R P R S S P A T T T A S S C
 L P R A G Q D R A R Q P Q P H P A V
 C L V Q A K I E P G N H N R I Q L S

R G D L G G A A V V G A D V L A A A
 G V T W A V R L L * V R M W W P R L
 A S R G P W G C C S C G C G G P G C

 GCG GCT GGC AGG TCC GGT GGG CGT CGT TGA TGT GGG CGT AGG TGG TCC CGG CGT
 47961 47970 47979 47988 47997 48006
 CGC CGA CCG TCC AGG CCA CCC GCA GCA ACT ACA CCC GCA TCC ACC AGG GCC GCA

 R R P S R P P A A T T P A S T R A A
 A D R P G H P Q Q L H P H P P G P Q
 P T V Q A T R S N Y T R I H Q G R S

 G T I Q L E E G L G A R A A G Q H V
 V R * R S N K V L A P A P R V R T S
 C G N D P T R * W P R R P G C G P P

 CGT GGG CAA TAG ACC TCA AGA AGT GGT TCC GGC CGC GCC CGG CGT GGG ACC ACC
 48015 48024 48033 48042 48051 48060
 GCA CCC GTT ATC TGG AGT TCT TCA CCA AGG CCG GCG CGG GCC GCA CCC TGG TGG

 A P V I W S S S P R P A R A A P W W
 H P L S G V L H Q G R R G P H P G G
 T R Y L E F F T K A G A G R T L V D

 D Q L G L L A R P K Q A L A V A V H
 T R C D S C P A H N R R L R L R L M
 R G A T R A P R T T E A C A C G C C

 TGC AGG ACG TCA GGC TCG TCC CGC GCA CCA AAG ACG CGT TCG CGT TGG CGT TGT
 48069 48078 48087 48096 48105 48114
 ACG TCC TGC AGT CCG AGC AGG GCG CGT GGT TTC TGC GCA AGC GCA ACC GCA ACA

 T S C S P S R A R G F C A S A T A T
 R P A V R A G R V V S A Q A Q P Q H
 V L Q S E Q G A W F L R K R N R N M

 D D L H S L V H G G G L A V V P Q R
 T T W T A S S T G A A L P * W Q S G
 P R G P P Q P R A R R W P S G S A A

 ACC AGC AGG TCC ACC GAC TCC TGC ACG GGC GGC GGT TCC CGA TGG TGA CCG ACG
 48123 48132 48141 48150 48159 48168
 TGG TCG TCC AGG TGG CTG AGG ACG TGC CCG CCG CCA AGG GCT ACC ACT GGC TGC

 W S S R W L R T C P P P R A T T G C
 G R P G G * G R A R R Q G L P L A A
 V V Q V A E D V P A A K G Y H W L P

 Q G F Q P P Q Q A D V A Q D V H V G
 S V S S R R S S R M S P R T L M S V
 A S R V A A A A A C R R G P * C P C

 GCG ACT GGC TTG ACG CCG CCG ACG ACG CGT AGC TGC CGG ACC AGT TGT ACC TGT
 48177 48186 48195 48204 48213 48222
 CGC TGA CCG AAC TGC GGC GGC TGC TGC GCA TCG ACG GCC TGG TCA ACA TGG ACA

R * P N C G G C C A S T A W S T W T
A D R T A A A A H R R P G Q H G H
L T E L R R L L R I D G L V N M D T

P G H Q G A E R R I R E G G G P R H
R V T S A Q R G A S V N G A E R G T
G S R A P R G G P P Y T G R R G A P

GGG CCT GGC ACG ACC GGA CGG AGG GCC GCC TAT GCA AGG GGC GGA GGG CCG GCC
48231 48240 48249 48258 48267 48276
CCC GGA CCG TGC TGG CCT GCC TCC CGG CGG ATA CGT TCC CCG CCT CCC GGC CGG

P G P C W P A S R R I R S P P P G R
P D R A G L P P G G Y V P R L P A G
R T V L A C L P A D T F P A S R P V

R D T V D P R C E H Q R R R A L A G
G T P S T P A A S T S D D V P W P V
A P R H R R P P V R A T T S P G P C

ACG GCC AGC CAC TGC AGC CCC GCC GTG AGC ACG ACA GCA GCT GCC CGG TCC CGT
48285 48294 48303 48312 48321 48330
TGC CGG TCG GTG ACG TCG GGG CGG CAC TCG TGC TGT CGT CGA CGG GCC AGG GCA

C R S V T S G R H S C C R R R A R A
A G R * R R G G T R A V V D G P G H
P V G D V G A A L V L S S T G Q G T

G Q V V H P G H Q A P E G L G L A P
E R F S M P A T S R Q N V S A L L R
R G S R C P P R A A S T * R P W S G

GGA GGG ACT TGC TGT ACC CCC GGC ACG ACG CGA CCA AGT GGC TCC GGT TCT CGG
48339 48348 48357 48366 48375 48384
CCT CCC TGA ACG ACA TGG GGG CCG TGC TGC GCT GGT TCA CCG AGG CCA AGA GCC

P P * T T W G P C C A G S P R P R A
L P E R H G G R A A L V H R G Q E P
S L N D M G A V L R W F T E A K S R

V L Q R C V P R G Q P V Q G P P A A
C W S V A C R V G R R S R G P H R P
A G V S P V G S A G A P G A R T A R

CCG TGG TTG ACT GCC GTG TGG CCT GCG GGG ACG CCC TGG ACG GGC CCA CCG CGC
48393 48402 48411 48420 48429 48438
GGC ACC AAC TGA CGG CAC ACC GGA CGC CCC TGC GGG ACC TGC CCG GGT GGC GCG

G T N * R H T G R P C G T C P G G A
A P T D G T P D A P A G P A R V A R
H Q L T A H R T P L R D L P G W R G

S R L L D G V L V P P V E A D D P H
V G S C I V W S S P R C K L M M P T
C E P A S * G R P R A A S * C * R P

CGT GAG GCC TCG TCT AGT GGG TGC TCC TGC CCG CCG TGA AGT CGT AGT AGC CCC

48447			48456			48465			48474			48483			48492		
GCA	CTC	CGG	AGC	AGA	TCA	CCC	ACG	AGG	ACG	GGC	GGC	ACT	TCA	GCA	TCA	TCG	GGG
A	L	R	S	R	S	P	T	R	T	G	G	T	S	A	S	S	G
H	S	G	A	D	H	P	R	G	R	A	A	L	Q	H	H	R	G
T	P	E	Q	I	T	H	E	D	G	R	H	F	S	I	I	G	V
G	G	L	D	T	V	A	L	H	G	F	P	V	L	R	Q	Q	E
V	A	W	T	P	S	R	S	T	A	S	H	S	W	G	S	S	N
S	R	G	P	R	H	G	R	P	P	R	I	P	G	A	A	A	T
ACT	GGC	GGG	TCC	AGC	CAC	TGG	CGC	TCC	ACC	GGC	TTA	CCC	TGG	TCG	GCG	ACG	ACA
48501				48510			48519			48528			48537			48546	
TGA	CCG	CCC	AGG	TCG	GTG	ACC	GCG	AGG	TGG	CCG	AAT	GGG	ACC	AGC	CGC	TGC	TGT
*	P	P	R	S	V	T	A	R	W	P	N	G	T	S	R	C	C
D	R	P	G	R	*	P	R	G	G	R	M	G	P	A	A	A	V
T	A	Q	V	G	D	R	E	V	A	E	W	D	Q	P	L	L	F
R	L	P	A	S	D	D	R	E	H	D	L	D	D	F	P	D	R
G	C	P	R	P	T	T	A	N	T	I	L	T	M	S	P	T	A
G	A	P	A	R	L	R	R	T	R	S	*	P	*	R	L	P	R
AGG	GCG	TCC	CCG	CGC	CTC	AGC	AGC	GCA	AGC	ACT	AGT	TCC	AGT	AGC	TTC	CCC	AGC
48555				48564			48573			48582			48591			48600	
TCC	CGC	AGG	GGC	GCG	GAG	TCG	TCG	CGT	TCG	TGA	TCA	AGG	TCA	TCG	AAG	GGG	TCG
S	R	R	G	A	E	S	S	R	S	*	S	R	S	S	K	G	S
P	A	G	A	R	S	R	R	V	R	D	Q	G	H	R	R	G	R
P	Q	G	R	G	V	V	A	F	V	I	K	V	I	E	G	V	A
V	Q	E	D	V	G	P	E	L	G	A	Q	Q	V	A	H	L	H
C	R	S	T	W	A	R	N	W	G	P	R	S	S	P	M	S	I
A	G	A	R	G	R	G	T	G	A	R	G	A	P	R	C	P	S
GCG	TGG	ACG	AGC	AGG	TGC	GGG	CCA	AGG	TCG	GGC	CGG	ACG	ACC	TGC	CGT	ACC	TCT
48609				48618			48627			48636			48645			48654	
CGC	ACC	TGC	TCG	TCC	ACG	CCC	GGT	TCC	AGC	CCG	GCC	TGC	TGG	ACG	GCA	TGG	AGA
R	T	C	S	S	T	P	G	S	S	P	A	C	W	T	A	W	R
A	P	A	R	P	R	P	V	P	A	R	P	A	G	R	H	G	D
H	L	L	V	H	A	R	F	Q	P	G	L	L	D	G	M	E	M
A	R	G	H	L	A	D	R	L	V	I	R	L	P	R	R	P	E
P	G	V	T	C	H	T	G	S	F	*	G	C	P	G	G	R	N
P	G	S	R	A	T	R	G	P	S	S	D	A	L	A	A	A	T
ACC	CGG	GCT	GGC	ACG	TCA	CGC	AGG	GCC	TCT	TGA	TAG	GCG	TTC	CCG	GCG	GCG	CCA
48663				48672			48681			48690			48699			48708	
TGG	GCC	CGA	CCG	TGC	AGT	GCG	TCC	CGG	AGA	ACT	ATC	CGC	AAG	GGC	CGC	CGC	GGT
W	A	R	P	C	S	A	S	R	R	T	I	R	K	G	R	R	G
G	P	D	R	A	V	R	P	G	E	L	S	A	R	A	A	A	V
G	P	T	V	Q	C	V	P	E	N	Y	P	Q	G	P	P	R	F
E	V	V	D	Q	G	S	G	R	L	A	E	E	V	T	G	D	Q
R	S	*	T	R	V	A	E	G	S	R	R	R	*	L	A	T	R

G R S R G S R K G P A G G R C H R G
 AGG AGC TGA TGC AGG ACT GGC GAA GGG GCC TCG CGG AGG AGA TGT CAC GGC AGG
 48717 48726 48735 48744 48753 48762
 TCC TCG ACT ACG TCC TGA CCG CTT CCC CGG AGC GCC TCC TCT ACA GTG CCG TCC
 S S T T S * P L P R S A S S T V P S
 P R L R P D R F P G A P P L Q C R P
 L D Y V L T A S P E R L L Y S A V L
 G L L A P A E V V R L V A I E Q D L
 A S S P P R K * W E C F L * R R T S
 P R P P R A S R G S A S C S D G P R
 ACC GGC TCC TCC CGC CCG CGA AGA TGG TGA GCG TCT TGT CGA TAG AGG ACC AGC
 48771 48780 48789 48798 48807 48816
 TGG CCG AGG AGG GCG GGC GCT TCT ACC ACT CGC AGA ACA GCT ATC TCC TGG TCG
 W P R R A G A S T T R R T A I S W S
 G R G G R A L L P L A E Q L S P G R
 A E E G G R F Y H S Q N S Y L L V E
 G V V V E G Y G D G I V V A P H G G
 A S S S K G T A T G S S * Q Q T V A
 P R R R S G R L R G R H S S S P S R
 TCC GGC TGC TGC TGA AGG GGC ATC GGC AGG GGC TAC TGA TGA CGA CCC ACT GGC
 48825 48834 48843 48852 48861 48870
 AGG CCG ACG ACG ACT TCC CCG TAG CCG TCC CCG ATG ACT ACT GCT GGG TGA CCG
 R P T T T S P * P S P M T T A G * P
 G R R R L P R S R P R * L L L G D R
 A D D D F P V A V P D D Y C W V T A
 V L E G P E Q P V A V V D V D L G P
 W W S V R S R R C P * * T L T S A R
 G G A * G A G A A R S S R * R R P G
 GGG TGG TCG AGT GGG CCG AGG ACG CCG TGC CGA TGA TGC AGT TGC AGC TCC GGG
 48879 48888 48897 48906 48915 48924
 CCC ACC AGC TCA CCC GGC TCC TGC GGC ACG GCT ACT ACG TCA ACG TCG AGG CCC
 P T S S P G S C G T A T T S T S R P
 P P A H P A P A A R L L R Q R R G P
 H Q L T R L L R H G Y Y V N V E A R
 A Q E G A Q L T P S G M F F S R G T
 L R S A Q R C L Q H G W S S R A D R
 S G A R R G A S N T V G H L V L T G
 CCT CGG ACG AGC GGA CGG ACG TCT CAA CCA CTG GGG TAC TTC TTG CTC GCA GGG
 48933 48942 48951 48960 48969 48978
 GGA GCC TGC TCG CCT GCC TGC AGA GTT GGT GAC CCC ATG AAG AAC GAG CGT CCC
 G A C S P A C R V G D P (M) K N E R P
 E P A R L P A E L V T P * R T S V P
 S L L A C L Q S W * P H E E R A S R

R S P M R P Q E S M A R R R V R G A
 A A P C E R S S R C R G V G Y G A P
 H P Q A N E A A G V D G S A T G Q R

 CAC GCC GAC CCG TAA GAG CCG ACG AGG CTG TAG CGG GCT GCG GCA TGG GAC GGC
 48987 48996 49005 49014 49023 49032
 GTG CGG CTG GGC ATT CTC GGC TGC TCC GAC ATC GCC CGA CGC CGT ACC CTG CCG

 V R L G I L G C S D I A R R R T L P
 C G W A F S A A P T S P D A V P C R
 A A G H S R L L R H R P T P Y P A G

 A S F T G S S V T V A T A E R L S S
 R A S P A P A S P S R R R R G S R P
 G R Q L H R L Q R H G G D G G P A L

 CGG CGC GAC TTC CAC GGC CTC GAC TGC CAC TGG CGG CAG CGG AGG GCC TCG CTC
 49041 49050 49059 49068 49077 49086
 GCC GCG CTG AAG GTG CCG GAG CTG ACG GTG ACC GCC GTC GCC TCC CGG AGC GAG

 A A L K V P E L T V T A V A S R S E
 P R * R C R S * R * P P S P P G A R
 R A E G A G A D G D R R R L P E R G

 L A R A T A A R N P P S A T T P * S
 C R G H P R R A T R R R P R R R S R
 V V G T R D G R P E A A L G D D A V

 CTG TTG CGG GCA CGC CAG CGG CGC GCC AAG CCG CCG CTC CGG CAG CAG CCG ATG
 49095 49104 49113 49122 49131 49140
 GAC AAC GCC CGT GCG GTC GCC GCG CGG TTC GGC GGC GAG GCC GTC GTC GGC TAC

 D N A R A V A A R F G G E A V V G Y
 T T P V R S P R G S A A R P S S A T
 Q R P C G R R A V R R R G R R R L R

 A S S S L G S T S A T * T E R G V P
 P A A P S G P H R R P R R R G A W R
 L R Q Q L A R I D V R D V D G Q G G

 CTC CGC GAC GAC CTC TCG GGC CTA CAG CTG CGC CAG ATG CAG AGG GAC GGC TGG
 49149 49158 49167 49176 49185 49194
 GAG GCG CTG CTG GAG AGC CCG GAT GTC GAC GCG GTC TAC GTC TCC CTG CCC ACC

 E A L L E S P D V D A V Y V S L P T
 R R C W R A R M S T R S T S P C P P
 G A A G E P G C R R G L R L P A H R

 S C W S Q I T R A R R A P F C T S A
 V A G R S S R A R G A R P F A R A R
 S Q V V V P D H A G Q A R S L V H E

 CCT GAC GTG GTG CTG ACC TAG CAC GCG CGG GAC GCG CGC CCT TTC GTG CAC GAG
 49203 49212 49221 49230 49239 49248
 GGA CTG CAC CAC GAC TGG ATC GTG CGC GCC CTG CGC GCG GGA AAG CAC GTG CTC

G L H H D W I V R A L R A G K H V L
 D C T T T G S C A P C A R E S T C S
 T A P R L D R A R P A R G K A R A R

 S F G S V A R * G S V T V A T R R A
 P S A A S R G S G P C R S P P G G R
 R L L R Q G G A V R V G H R R D A E

 CGC CTC TTC GGC GAC TGG CGG GCG ATG GGC CTG TGG CAC TGC CGC CAG GCG GAG
 49257 49266 49275 49284 49293 49302
 GCG GAG AAG CCG CTG ACC GCC CGC TAC CCG GAC ACC GTG ACG GCG GTC CGC CTC

 A E K P L T A R Y P D T V T A V R L
 R R S R * P P A T R T P * R R S A S
 G E A A D R P L P G H R D G G P P R

 S E R P R V S I S F R V K V W C E S
 P S G R G S A S P S G S R * G A S A
 R V G A A Q R Q H L V Q G E G L V R

 CGC CTG AGG GCG CCG GAC TGC GAC TAC CTC TTG GAC TGG AAG TGG GTC GTG AGC
 49311 49320 49329 49338 49347 49356
 GCG GAC TCC CGC GGC CTG ACG CTG ATG GAG AAC CTG ACC TTC ACC CAG CAC TCG

 A D S R G L T L M E N L T F T Q H S
 R T P A A * R * W R T * P S P S T R
 G L P R P D A D G E P D L H P A L A

 C S A T R S I S S S P P M P S S R E
 A R R R A R S A P R P R C R H V A S
 Q V V G H A L H Q V L A A D T F Q A

 GAC GTG CTG CGG CAC GCG CTC TAC GAC CTG CTC CCG CCG TAG CCA CTT GAC GCG
 49365 49374 49383 49392 49401 49410
 CTG CAC GAC GCC GTG CGC GAG ATG CTG GAC GAG GGC GGC ATC GGT GAA CTG CGC

 L H D A V R E M L D E G G I G E L R
 C T T P C A R C W T R A A S V N C A
 A R R R A R D A G R G R H R * T A L

 R V L S N P N G G S G G P L T R Y W
 G * W R T R T G A V A E R C R G T G
 G E G A L E P E R W Q R G A V D P V

 AGG GAG TGG TCG CTC AAG CCC AAG GGC GGT GAC GGA GGG CCG TTG CAG GCC ATG
 49419 49428 49437 49446 49455 49464
 TCC CTC ACC AGC GAG TTC GGG TTC CCG CCA CTG CCT CCC GGC AAC GTC CGG TAC

 S L T S E F G F P P L P P G N V R Y
 P S P A S S G S R H C L P A T S G T
 P H Q R V R V P A T A S R Q R P V P

 G S S A P P L R S S A P T Y G S A A
 A P A P R R C G A P R P R T D A R R
 L R L Q G A A A Q Q V R A H I R E G

 GTC GGC CTC GAC CGG CCG CCG TCG GAC GAC CTG CGC CCG CAC ATA GGC GAG CGG

49473 49482 49491 49500 49509 49518
 CAG CCG GAG CTG GCC GGC GGC AGC CTG CTG GAC GCG GGC GTG TAT CCG CTC GCC

 Q P E L A G G S L L D A G V Y P L A
 S R S W P A A A C W T R A C I R S P
 A G A G R R Q P A G R G R V S A R R

 A L M N R P G S R S T T P A V S R I
 P S C T G R A R G R H P R P S A A S
 R R A H E E P G V E I H D P R R Q P

 CGC CGC TCG TAC AAG GAG CCC GGG CTG GAG CTA CAC CAG CCC CGC TGC GAC GCC
 49527 49536 49545 49554 49563 49572
 GCG GCG AGC ATG TTC CTC GGG CCC GAC CTC GAT GTG GTC GGG GCG ACG CTG CGG

 A A S M F L G P D L D V V G A T L R
 R R A C S S G P T S M W S G R R C G
 G E H V P R A R P R C G R G D A A D

 P V S A F T S T A P S A S S H A G S
 P F R P S L R R P P R R A A T H A R
 H S G L R F D V H R A V R Q Q T R G

 TAC CCT TGG CTC CGC TTT CAG CTG CAC CGC CCG CTG CGC GAC GAC ACA CGC GGG
 49581 49590 49599 49608 49617 49626
 ATG GGA ACC GAG GCG AAA GTC GAC GTG GCG GGC GAC GCG CTG CTG TGT GCG CCC

 M G T E A K V D V A G D A L L C A P
 W E P R R K S T W R A T R C C V R P
 G N R G E S R R G G R R A A V C A R

 P R V A C T D K P K S C A * R Q A Y
 R G C P V R T R R S R A R R G S R T
 V A A R C V H G E A E L V G V A A R

 CTG CCG GCG TGC CGT GTG CAC AGG AAG CCG AAG CTC GTG CGG ATG GCG ACG CGC
 49635 49644 49653 49662 49671 49680
 GAC GGC CGC ACG GCA CAC GTG TCC TTC GGC TTC GAG CAC GCC TAC CGC TGC GCG

 D G R T A H V S F G F E H A Y R C A
 T A A R H T C P S A S S T P T A A R
 R P H G T R V L R L R A R L P L R V

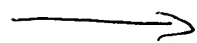
 V S H P L S P R I M T S R A K V G G
 C A T P S R P G S * R R G H R * G A
 V R Q P P A L A P D D D V T G E G R

 ATG TGC GAC ACC CCC TCG CTC CCG GCC TAG TAG CAG CTG GCA CGG AAG TGG GGC
 49689 49698 49707 49716 49725 49734
 TAC ACG CTG TGG GGG AGC GAG GGC CGG ATC ATC GTC GAC CGT GCC TTC ACC CCG

 Y T L W G S E G R I I V D R A F T P
 T R C G G A R A G S S S T V P S P R
 H A V G E R G P D H R R P C L H P A

 G S K R G V T R S S R A S S T R S R
 A R S G G W P E A P V R R R P A R A

R	G	V	E	A	G	R	N	P	Q	F	A	G	V	L	H	A	L
GGC	GGG	CTG	AAG	GCG	GGG	TGC	CAA	GCC	GAC	CTT	GCG	CGG	CTG	CTC	CAC	GCG	CTC
	49743				49752			49761		49770			49779			49788	
CCG	CCC	GAC	TTC	CGC	CCC	ACG	GTT	CGG	CTG	GAA	CGC	GCC	GAC	GAG	GTG	CGC	GAG
P	P	D	F	R	P	T	V	R	L	E	R	A	D	E	V	R	E
R	P	T	S	A	P	R	F	G	W	N	A	P	T	R	C	A	S
A	R	L	P	P	H	G	S	A	G	T	R	R	R	G	A	R	A
T	R	G	A	S	S	W	N	A	P	V	R	A	H	K	T	R	A
R	G	A	P	R	R	G	T	R	R	C	G	R	T	S	R	G	P
A	D	Q	R	G	V	V	L	E	G	A	G	E	R	A	E	D	P
GCG	CAG	GAC	GGC	CGG	CTG	CTG	GTC	AAG	CGG	CCG	TGG	GAG	CGC	ACG	AAG	CAG	GCC
	49797			49806			49815			49824			49833			49842	
CGC	GTC	CTG	CCG	GCC	GAC	GAC	CAG	TTC	GCC	GGC	ACC	CTC	GCG	TGC	TTC	GTC	CGG
R	V	L	P	A	D	D	Q	F	A	G	T	L	A	C	F	V	R
A	S	C	R	P	T	T	S	S	P	A	P	S	R	A	S	S	G
R	P	A	G	R	R	P	V	R	R	H	P	R	V	L	R	P	G
T	V	P	P	P	D	A	A	C	L	A	S	T	M	A	R	A	R
R	*	R	R	R	T	P	P	A	C	R	R	H	*	R	V	P	G
G	D	G	A	A	P	R	R	R	V	A	G	I	D	D	C	P	G
CGG	CAG	TGG	CCG	CCG	CCC	AGC	CGC	CGC	GTG	TCG	CGG	CTA	CAG	TAG	CGT	GCC	CGG
	49851			49860			49869			49878			49887			49896	
GCC	GTC	ACC	GGC	GGC	GGG	TCG	GCG	GCG	CAC	AGC	GCC	GAT	GTC	ATC	GCA	CGG	GCC
A	V	T	G	G	G	S	A	A	H	S	A	D	V	I	A	R	A
P	S	P	A	A	G	R	R	R	T	A	P	M	S	S	H	G	P
R	H	R	R	R	V	G	G	A	Q	R	R	C	H	R	T	G	P
N	T	L	*	T	C	P	R	A	R	S	S	P	L	P	Q	D	P
I	P	L	D	P	A	P	G	P	V	A	A	R	C	R	S	T	L
S	Q	Y	T	L	H	L	A	P	C	P	Q	E	A	V	A	P	*
GCT	AAC	CAT	TCA	GTC	CAC	GTC	CCG	GCC	CGT	GCC	GAC	GAG	CCG	TTG	CCG	ACC	AGT
	49905			49914			49923			49932			49941			49950	
CGA	TTG	GTA	AGT	CAG	GTG	CAG	GGC	CGG	GCA	CGG	CTG	CTC	GGC	AAC	GGC	TGG	TCA
R	L	V	S	Q	V	Q	G	R	A	R	L	L	G	N	G	W	S
D	W	*	V	R	C	R	A	G	H	G	C	S	A	T	A	G	Q
I	G	K	S	G	A	G	P	G	T	A	A	R	Q	R	L	V	R
P	A	S	P	R	H	A	R	A	R	E	R	P	Q	H	S	P	T
L	L	L	H	G	I	L	A	L	A	N	E	H	S	T	P	R	P
S	S	C	I	A	S	S	R	S	R	T	R	T	A	P	P	V	P
CCT	CCT	CGT	CTA	CCG	GCT	ACT	CGC	GCT	CGC	GCA	AGA	GCA	CCG	ACC	ACC	CTG	CCC
	49959			49968			49977			49986			49995			50004	
GGA	GGA	GCA	GAT	GGC	CGA	TGA	GCG	CGA	GCG	CGT	TCT	CGT	GGC	TGG	TGG	GAC	GGG
G	G	A	D	G	R	*	A	R	A	R	S	R	G	W	W	D	G
E	E	Q	M	A	D	E	R	E	R	V	L	V	A	G	G	T	G
R	S	R	W	P	M	S	A	S	A	F	S	W	L	(V)	G	R	G



2:

R P G D A T R P G S R P R L R P P P
E H A T L Q A R V Q G R G S G L H R
N T P R * S H A S R V A A P A S T A

CAA GCA CCC GGC AGT CGA CAC GCG CCT GGA CTG GCG CCG GCC TCG GCT CCA CCG
50013 50022 50031 50040 50049 50058
GTT CGT GGG CCG TCA GCT GTG CGC GGA CCT GAC CGC GGC CGG AGC CGA GGT GGC

V R G P S A V R G P D R G R S R G G
F V G R Q L C A D L T A A G A E V A
S W A V S C A R T * P R P E P R W R

S R G A P V P S G G A P G A G R G P
R D G P P Y R V E G Q R A P E E D Q
A I A R R T G S K G R G P R S R T R

CCG CTA GCG GGC CGC CCA TGG CCT GAA GGG GGA CGG CCC GGC CGA GGA GCA GGA
50067 50076 50085 50094 50103 50112
GGC GAT CGC CCG GCG GGT ACC GGA CTT CCC CCT GCC GGG CCG GCT CCT CGT CCT

G D R P A G T G L P P A G P A P R P
A I A R R V P D F P L P G R L L V L
R S P G G Y R T S P C R A G S S S W

R * W R T A R P V P R R S R S R G G
V D G G R R G P F Q G V H D V G D A
S T V V A D G P S S A S T I S E T R

CCT GCA GTG GTG GCG CAG CGG GCC CCT TGA CCG GCT GCA CTA GCT GAG GCA GGC
50121 50130 50139 50148 50157 50166
GGA CGT CAC CAC CGC GTC GCC CGG GGA ACT GGC CGA CGT GAT CGA CTC CGT CCG

G R H H R V A R G T G R R D R L R P
D V T T A S P G E L A D V I D S V R
T S P P R R P G N W P T * S T P S A

A C P P * R W R C C S P S R R V P C
R V R H D V G D A A V P P D G F P V
G C V T T L A M P L L Q P I A S R S

GGG CGT GTG CCA CCA GTT GCG GTA GCC GTC GTT GAC CCC CTA GCG GCT TGC CCT
50175 50184 50193 50202 50211 50220
CCC GCA CAC GGT GGT CAA CGC CAT CGG CAG CAA CTG GGG GAT CGC CGA ACG GGA

P A H G G Q R H R Q Q L G D R R T G
P H T V V N A I G S N W G I A E R D
R T R W S T P S A A T G G S P N G T

P S W S R P A S G G G A P R A A A S
H L G V A R H R G A A Q Q V R Q P P
M S V L Q A T G V R R R S S A S R R

GTA CCT CTG GTT GAC GCG CCA CGG CTG GGC GGC GGA CGA CCT GCG CGA CGC CGC
50229 50238 50247 50256 50265 50274
CAT GGA GAC CAA CTG CGC GGT GCC GAC CCG CCG CCT GCT GGA CGC GCT GCG GCG

H G D Q L R G A D P P P A G R A A A
M E T N C A V P T R R L L D A L R R
W R P T A R C R P A A C W T R C G G

R T G D R R R G G R S L A P T R G S
G R A T G V D D V E A * H Q L V A R
V A H R G * T T W R P E T S S Y P G

CTG GCG CAC GGC AGG GAT GCA GCA GGT GGA GCC GAG TCA CGA CCT CAT GCC GGG
50283 50292 50301 50310 50319 50328
GAC CGC GTG CCG TCC CTA CGT CGT CCA CCT CGG CTC AGT GCT GGA GTA CGG CCC

D R V P S L R R P P R L S A G V R P
T A C R P Y V V H L G S V L E Y G P
P R A V P T S S T S A Q C W S T A R

G A R H V S G S R T A A G A S S R R
G R G T F R G P G R R R G P R R G G
V G G P S G V R V A D G G R G V V A

CTG GGG CGG GCC ACT TGG CTG GGC CTG GCG CAG CGG CGG GGC CGG CTG CTG GCG
50337 50346 50355 50364 50373 50382
GAC CCC GCC CGG TGA ACC GAC CCG GAC CGC GTC GCC GCC CCG GCC GAC GAC CGC

D P A R * T D P D R V A A P A D D R
T P P G E P T R T A S P P R P T T A
P R P V N R P G P R R R P G R R P P

R C P W V R P S G P R A P P R R P P
V A L G F E R R A L G H Q L G G R L
* P L A L S A A L W A T S S A A A S

GAT GCC GTT CCG GTT TGA GCG CCG CTC GGT CCG GCA CGA CCT CCG GCG GCG CCT
50391 50400 50409 50418 50427 50436
CTA CGG CAA GGC CAA ACT CGC GGC GAG CCA GGC CGT GCT GGA GGC CGC CGC GGA

L R Q G Q T R G E P G R A G G R R G
Y G K A K L A A S Q A V L E A A A E
T A R P N S R R A R P C W R P P R R

R R P P P R A A S R W R P R A P C G
A D H L R A H Q P D G V H G P R A G
P T T S A P T S R I A L T A P G P V

CCC GCA GCA CCT CCG CCC GCA CGA CGC CTA GCG GTT GCA CCG GCC CGG CCC GTG
50445 50454 50463 50472 50481 50490
GGG CGT CGT GGA GGC GGG CGT GCT GCG GAT CGC CAA CGT GGC CGG GCC GGG CAC

G R R G G G R A A D R Q R G R A G H
G V V E A G V L R I A N V A G P G T
A S W R R A C C G S P T W P G R A P

P P * G A R G P P R A A R R P P * G
R R D A Q E A P H G P P E G L R D G
G A T L R S P R T A P R S A S A T V

GGG CCG CCA GTC GGA CGA GCC GGC CCA CCG GCC CGC CGA GCG GCT CCG CCA GTG

50499				50508				50517				50526				50535				50544			
CCC	GGC	GGT	CAG	CCT	GCT	CGG	CCG	GGT	GGC	CGG	GCG	GCT	CGC	CGA	GGC	GGT	CAC						
P	G	G	Q	P	A	R	P	G	G	R	A	A	R	R	G	G	H						
P	A	V	S	L	L	G	R	V	A	G	R	L	A	E	A	V	T						
R	R	S	A	C	S	A	G	W	P	G	G	S	P	R	R	S	P						
P	C	A	G	P	P	R	P	A	T	G	T	A	R	G	G	R	S						
P	V	H	E	R	R	D	H	L	Q	G	L	Q	A	G	V	A	V						
R	S	M	S	G	A	T	T	S	S	D	W	N	R	A	W	R	S						
GGC	CCT	GTA	CGA	GGG	CCG	CCA	GCA	CCT	CGA	CAG	GGT	CAA	CGC	GCG	GGT	GGC	GCT						
50553	50562	50571	50580	50589	50598																		
CCG	GGA	CAT	GCT	CCC	GGC	GGT	CGT	GGA	GCT	GTC	CCA	GTT	GCG	CGC	CCA	CCG	CGA						
P	G	H	A	P	G	G	R	G	A	V	P	V	A	R	P	P	R						
R	D	M	L	P	A	V	V	E	L	S	Q	L	R	A	H	R	D						
G	T	C	S	R	R	S	W	S	C	P	S	C	A	P	T	A	T						
R	R	R	A	R	R	R	P	R	P	A	P	R	W	G	R	G	Y						
V	D	V	H	A	V	D	R	V	R	H	Q	G	G	G	A	G	T						
*	T	S	T	R	S	T	E	S	A	T	S	A	A	V	R	A	R						
GAT	GCA	GCT	GCA	CGC	GCT	GCA	GAG	CCT	GCG	CCA	CGA	CCG	GCG	GTG	GGC	GCG	GGC						
50607	50616	50625	50634	50643	50652																		
CTA	CGT	CGA	CGT	GCG	CGA	CGT	CTC	GGA	CGC	GGT	GCT	GGC	CGC	CAC	CCG	CGC	CCG						
L	R	R	R	A	R	R	L	G	R	G	A	G	R	H	P	R	P						
Y	V	D	V	R	D	V	S	D	A	V	L	A	A	T	R	A	R						
T	S	T	C	A	T	S	R	T	R	C	W	P	P	P	A	P	V						
E	P	A	P	R	G	W	R	V	R	R	P	R	A	P	A	T	A						
N	R	P	Q	D	D	G	D	S	A	A	L	G	H	R	H	P	P						
I	G	P	S	T	T	G	M	P	R	P	S	A	T	G	T	R	H						
ATA	AGG	CCC	CGA	CCA	GCA	GGG	GTA	GCC	TGC	GCC	GCT	CCG	GCA	CGG	CCA	CGC	CAC						
50661	50670	50679	50688	50697	50706																		
TAT	TCC	GGG	GCT	GGT	CGT	CCC	CAT	CGG	ACG	CGG	CGA	GGC	CGT	GCC	GGT	GCG	GTG						
Y	S	G	A	G	R	P	H	R	T	R	R	G	R	A	G	A	V						
I	P	G	L	V	V	P	I	G	R	G	E	A	V	P	V	R	W						
F	R	G	W	S	S	P	S	D	A	A	R	P	C	R	C	G	G						
R	R	D	A	R	R	P	S	R	R	A	R	R	P	G	P	A	E						
E	D	I	Q	E	D	L	H	A	A	H	G	G	L	D	P	L	K						
S	T	S	R	S	T	S	T	L	P	T	G	A	S	T	R	S	S						
CGA	GCA	GCT	AGA	CGA	GCA	GCT	CCA	CTC	GCC	GCA	CGG	GCG	GCT	CCA	GGC	CCT	CGA						
50715	50724	50733	50742	50751	50760																		
GCT	CGT	CGA	TCT	GCT	CGT	CGA	GGT	GAG	CGG	CGT	GCC	CGC	CGA	GGT	CCG	GGA	GCT						
A	R	R	S	A	R	R	G	E	R	R	A	R	R	G	P	G	A						
L	V	D	L	L	V	E	V	S	G	V	P	A	E	V	R	E	L						
S	S	I	C	S	S	R	*	A	A	C	P	P	R	S	G	S	F						
R	R	R	W	P	R	P	R	P	R	S	S	G	P	R	G	R	A						
G	G	G	G	R	A	R	G	P	V	V	P	D	L	D	V	G	P						

G A A A V P A A P S S Q T W T S G P
 AGG GCG GCG GCG GTG CCC GCG CCG GCC CCT GCT GAC CTA GGT CCA GCT GGG GCC
 50769 50778 50787 50796 50805 50814
 TCC CGC CGC CGC CAC GGG CGC GGC CGG GGA CGA CTG GAT CCA GGT CGA CCC CGG
 S R R R H G R G R G R L D P G R P R
 P A A A T G A A G D D W I Q V D P G
 P P P P R A R P G T T G S R S T P G
 R G R V G R S S R R G S A A R T P S
 G G A F E E A P G G D A R Q V L R H
 G A R S S R P Q V A T R E S C S D T
 CGG GCG GGC GCT TGA GGA GCC GAC CTG GCG GCA GGC GAG CGA CGT GCT CAG CCA
 50823 50832 50841 50850 50859 50868
 GCC CGC CCG CGA ACT CCT CGG CTG GAC CGC CGT CCG CTC GCT GCA CGA GTC GGT
 A R P R T P R L D R R P L A A R V G
 P A R E L L G W T A V R S L H E S V
 P P A N S S A G P P S A R C T S R *
 R A T P R C A A C A P L G G A R P A
 G P Q P G V R Q A P L C D G L V R L
 V P S H A S V S R L C A I G W C A S
 CTG GCC CGA CAC CCG GCT GTG CGA CGC GTC CGT CCG TTA GGG GGT CGT GCG CCT
 50877 50886 50895 50904 50913 50922
 GAC CGG GCT GTG GGC CGA CAC GCT GCG CAG GCA GGC AAT CCC CCA GCA CGC GGA
 D R A V G R H A A Q A G N P P A R G
 T G L W A D T L R R Q A I P Q H A E
 P G C G P T R C A G R Q S P S T R S
 A A T R P G T T L N G D A A G G A R
 R P R G L G Q R * I G T Q R A A R G
 G R G D * A R D D S E R R G R R G G
 CGG CGC CGG CAG GAT CCG GGA CAG CAG TCT AAG GGC AGA CGG CGC GGC GGG CGG
 50931 50940 50949 50958 50967 50976
 GCC GCG GCC GTC CTA GGC CCT GTC GTC AGA TTC CCG TCT GCC GCG CCG CCC GCC
 A A A V L G P V V R F P S A A P P A
 P R P S * A L S S D S R L P R R P P
 R G R P R P C R Q I P V C R A A R P
 R A S S P F E V V P G L P R R A F G
 G P P R R S N S S L A W R A A R L A
 E P R V V P I R R C P G A P P A C L
 GAG GCC CGC CTG CTG CCC TTA AGC TGC TGT CCC GGG TCG CCC GCC GCG CGT TTC
 50985 50994 51003 51012 51021 51030
 CTC CGG GCG GAC GAC GGG AAT TCG ACG ACA GGG CCC AGC GGG CGG CGC GCA AAG
 L R A D D G N S T T G P S G R R A K
 S G R T T G I R R Q G P A G G A Q S
 P G G R R E F D D R A Q R A A R K A

F A R S Q V A G S W V D G H G E L H
 L R G L S S R V V G C T G T G R L T
 W V G S V P G C W E V R G R A G * P

 GGT TTG CGG GCT CTG ACC TGG CGT GGT GAG GTG TGC AGG GGC ACG GGG AGT TCC
 51039 51048 51057 51066 51075 51084
 CCA AAC GCC CGA GAC TGG ACC GCA CCA CTC CAC ACG TCC CCG TGC CCC TCA AGG

 P N A R D W T A P L H T S P C P S R
 Q T P E T G P H H S T R P R A P Q G
 K R P R L D R T T P H V P V P L K V

 * R R G A A R R R T R G C W R V G A
 D G G G P P V G G R V G A G A S A Q
 T V A A R R C A E A Y A R V L P R R

 ACA GTG GCG GCG GGC CGC CGT GCG GAG GCG CAT GCG GGC GTG GTC GCC TGC GGA
 51093 51102 51111 51120 51129 51138
 TGT CAC CGC CGC CCG GCG GCA CGC CTC CGC GTA CGC CCG CAC CAG CGG ACG CCT

 C H R R P A A R L R V R P H Q R T P
 V T A A R R H A S A Y A R T S G R L
 S P P P G G T P P R T P A P A D A C

 T R G A G R W P S G A R R S G A Y R
 R G G P A V G P R V P E A L A R T G
 G D E R R W A L A F R S P S L G R V

 CGG CAG GAG GGC CGC GGT GCG GTC CCG CTT GGC CGA GCC GCT CTC GGG CGC ATG
 51147 51156 51165 51174 51183 51192
 GCC GTC CTC CCG GCG CCA CGC CAG GGC GAA CCG GCT CGG CGA GAG CCC GCG TAC

 A V L P A P R Q G E P A R R E P A Y
 P S S R R H A R A N R L G E S P R T
 R P P G A T P G R T G S A R A R V P

 V P R * G A S A S * R P T A R R W S
 S P D D G R R P Q D A P R Q G D G R
 P R T T V G G L S I L P A N G T A V

 GCC TGC CCA GCA GTG GGG CGG CTC CGA CTA GTC GCC CCG CAA CGG GCA GCG GTG
 51201 51210 51219 51228 51237 51246
 CGG ACG GGT CGT CAC CCC GCC GAG GCT GAT CAG CGG GGC GTT GCC CGT CGC CAC

 R T G R H P A E A D Q R G V A R R H
 G R V V T P P R L I S G A L P V A T
 D G S S P R R G * S A G R C P S P R

 A S A S G Q S W P S R P T C L C I G
 P L H R A R R G P A E R R V S A S A
 L C I G L G A V L P K E A Y L P L H

 CTC CGT CTA CGG CTC GGG ACG CTG GTC CCC GAA GAG CCG CAT GTC TCC GTC TAC
 51255 51264 51273 51282 51291 51300
 GAG GCA GAT GCC GAG CCC TGC GAC CAG GGG CTT CTC GGC GTA CAG AGG CAG ATG

E A D A E P C D Q G L L G V Q R Q (M) 22
 R Q M P S P A T R G F S A Y R G R C
 G R C R A L R P G A S R R T E A D A
 L G A V L P K E A Y L P V F N T R S
 S G Q S W P S R P T C R F S T R G P
 R A R R G P A E R R V A S R L E D Q

 GGC TCG GGA CGC TGG TCC CCG AAG AGC CGC ATG TCG CCT TGC TTC AAG CAG GAC
 51309 51318 51327 51336 51345 51354
 CCG AGC CCT GCG ACC AGG GGC TTC TCG GCG TAC AGC GGA ACG AAG TTC GTC CTG

 P S P A T R G F S A Y S G T K F V L
 R A L R P G A S R R T A E R S S S W
 E P C D Q G L L G V Q R N E V R P G
 P R D S P S A S S T A S K P M L T S
 P G T R P A R P R P R R S R C * P A
 L A Q G L P E R V L D G V E A D L H

 CTC CCG GAC AGG CTC CCC GAG CGC CTG CTC CAG CGG CTG AAG CCG TAG TTC CAC
 51363 51372 51381 51390 51399 51408
 GAG GGC CTG TCC GAG GGG CTC GCG GAC GAG GTC GCC GAC TTC GGC ATC AAG GTG

 E G L S E G L A D E V A D F G I K V
 R A C P R G S R T R S P T S A S R C
 G P V R G A R G R G R R L R H Q G A
 I T S G P E K R V E S N S V P R A P
 S R R A P N R G C R A T R S P V P R
 Q D D L R T G E A G R Q E L R S P G

 GAC TAG CAG CTC GGC CCA AGG AAG GCG TGG AGC GAC AAG CTC TGC CCT GCC CGG
 51417 51426 51435 51444 51453 51462
 CTG ATC GTC GAG CCG GGT TCC TTC CGC ACC TCG CTG TTC GAG ACG GGA CGG GCC

 L I V E P G S F R T S L F E T G R A
 * S S S R V P S A P R C S R R D G P
 D R R A G F L P H L A V R D G T G R
 A L V S L P R Y G F T L R V R P K T
 P W C P C R G T G S P S G S G R S R
 P G A R V A A Q V R L H A P G A A E

 CCC CGG TCG TGC CTG TCG CCG GAC ATG GGC TTC CAC TCG GCC TGG GCG CCG AAG
 51471 51480 51489 51498 51507 51516
 GGG GCC AGC ACG GAC AGC GGC CTG TAC CCG AAG GTG AGC CGG ACC CGC GGC TTC

 G A S T D S G L Y P K V S R T R G F
 G P A R T A A C T R R * A G P A A S
 G Q H G Q R P V P E G E P D P R L R
 E P P S P E W G P S G A F A A A S I
 R R R R R S G A R R G P S P P P A S
 D G A A V A G L G A V R R L R R R Q

 CAG AGG CCG CCG CTG CCG AGG GTC GGG CCG CTG GGC CGC TTC CGC CGC CGC GAC

51525				51534				51543				51552				51561				51570			
GTC	TCC	GGC	GGC	GAC	GGC	TCC	CAG	CCC	GGC	GAC	CCG	GCG	AAG	GCG	GCG	GCG	GCG	CTG					
V	S	G	G	D	G	S	Q	P	G	D	P	A	K	A	A	A	L						
S	P	A	A	T	A	P	S	P	A	T	R	R	R	R	R	R	*						
L	R	R	R	R	L	P	A	R	R	P	G	E	G	G	G	A	D						
R	A	A	S	S	A	S	S	V	G	S	R	S	G	N	P	S	S						
G	P	R	A	P	P	P	R	S	G	A	A	A	A	T	P	R	R						
D	Q	G	R	Q	L	R	V	L	G	R	Q	P	Q	R	Q	A	V						
TAG	GAC	CGG	CGC	GAC	CTC	CGC	CTG	CTC	TGG	GGC	GAC	GCC	GAC	GGC	AAC	CCG	CTG						
51579				51588				51597				51606			51615		51624						
ATC	CTG	GCC	GCG	CTG	GAG	GCG	GAC	GAG	ACC	CCG	CTG	CGG	CTG	CCG	TTG	GGC	GAC						
I	L	A	A	L	E	A	D	E	T	P	L	R	L	P	L	G	D						
S	W	P	R	W	R	R	T	R	P	R	C	G	C	R	W	A	T						
P	G	R	A	G	G	G	R	D	P	A	A	A	A	V	G	R	R						
P	T	V	A	T	S	P	*	R	S	*	T	R	L	S	M	V	V						
R	P	*	Q	R	A	R	D	G	R	D	P	A	C	R	C	*	S						
V	P	D	S	G	H	E	T	V	E	I	L	H	A	V	V	D	R						
CTG	CCC	CAG	TGA	CGG	CAC	GAG	CCA	GTG	GAG	CTA	GTC	CAC	GCG	TTG	CTG	TAG	TGC						
51633				51642				51651				51660			51669		51678						
GAC	GGG	GTC	ACT	GCC	GTG	CTC	GGT	CAC	CTC	GAT	CAG	GTG	CGC	AAC	GAC	ATC	ACG						
D	G	V	T	A	V	L	G	H	L	D	Q	V	R	N	D	I	T						
T	G	S	L	P	C	S	V	T	S	I	R	C	A	T	T	S	R						
R	G	H	C	R	A	R	S	P	R	S	G	A	Q	R	H	H	D						
H	S	F	R	V	L	A	V	P	K	S	S	Q	P	W	R	G	R						
T	P	S	A	S	W	P	S	P	S	R	R	S	L	G	G	A	A						
R	P	L	L	P	G	P	R	R	A	E	V	V	S	A	V	P	R						
TGC	ACC	CTC	TTC	GCC	TGG	TCC	CGC	TGC	CCG	AAG	CTG	CTG	ACT	CCG	GTG	GCC	GGC						
51687				51696				51705				51714			51723		51732						
ACG	TGG	GAG	AAG	CGG	ACC	AGG	GCG	ACG	GGC	TTC	GAC	GAC	TGA	GGC	CAC	CGG	CCG						
T	W	E	K	R	T	R	A	T	G	F	D	D	*	G	H	R	P						
R	G	R	S	G	P	G	R	R	A	S	T	T	E	A	T	G	R						
V	G	E	A	D	Q	G	D	G	L	R	R	L	R	P	P	A	A						
L	L	P	Q	P	A	G	F	G	G	G	V	R	A	E	M	S	S						
C	F	L	N	P	P	A	S	D	A	G	*	G	R	K	W	P	P						
A	F	S	T	P	P	R	R	I	R	G	R	G	E	S	G	H	L						
GCG	TTT	TCT	CCA	ACC	CCC	CGC	GGC	TTA	GGC	GGG	GGA	TGG	GAG	CGA	AGG	TAC	CTC						
51741				51750				51759				51768			51777		51786						
CGC	AAA	AGA	GGT	TGG	GGG	GCG	CCG	AAT	CCG	CCC	CCT	ACC	CTC	GCT	TCC	ATG	GAG						
R	K	R	G	W	G	A	P	N	P	P	P	T	L	A	S	M	E						
A	K	E	V	G	G	R	R	I	R	P	L	P	S	L	P	W	R						
Q	K	R	L	G	G	A	E	S	A	P	Y	P	R	F	H	G	G						
S	C	L	T	Q	S	T	L	S	P	M	*	A	V	C	S	C	A						
L	A	S	R	R	P	L	L	A	R	C	R	R	W	A	P	V	P						

F	L	L	A	D	P	F	Y	P	E	A	D	V	G	R	L	F	L
CTT	CTC	GTC	TCG	CAG	ACC	CTT	CAT	TCC	GAG	CCG	TAG	ATG	CGG	TGC	GTC	CTT	GTC
51795		51804		51813		51822		51831		51840							
GAA	GAG	CAG	AGC	GTC	TGG	GAA	GTA	AGG	CTC	GGC	ATC	TAC	GCC	ACG	CAG	GAA	CAG
E	E	Q	S	V	W	E	V	R	L	G	I	Y	A	T	Q	E	Q
K	S	R	A	S	G	K	*	G	S	A	S	T	P	R	R	N	R
R	A	E	R	L	G	S	K	A	R	H	L	R	H	A	G	T	G
S	S	I	L	S	C	I	T	L	S	R	Q	G	S	G	S	*	A
P	R	S	*	P	V	S	R	*	A	G	R	G	P	G	R	D	R
R	V	L	D	L	F	L	D	D	P	E	E	A	R	V	G	I	V
CGC	CTG	CTC	TAG	TTC	CTT	GTC	TAG	CAG	TCC	GAG	GAG	ACG	GGC	CTG	GGG	CTA	GTG
51849		51858		51867		51876		51885		51894							
GCG	GAC	GAG	ATC	AAG	GAA	CAG	ATC	GTC	AGG	CTC	CTC	TGC	CCG	GAC	CCC	GAT	CAC
A	D	E	I	K	E	Q	I	V	R	L	L	C	P	D	P	D	H
R	T	R	S	R	N	R	S	S	G	S	S	A	R	T	P	I	T
G	R	D	Q	G	T	D	R	Q	A	P	L	P	G	P	R	S	R
G	G	Q	G	T	G	H	D	T	M	I	S	R	S	Q	S	A	Y
G	A	R	G	P	G	T	T	P	*	S	A	A	R	S	R	R	T
G	R	G	A	R	D	R	P	R	D	H	H	Q	A	V	A	V	R
CGG	GGC	GGG	ACG	GGC	CAG	GGC	ACC	AGC	CAG	TAC	TAC	GAC	GCG	CTG	ACG	CTG	CGC
51903		51912		51921		51930		51939		51948							
GCC	CCG	CCC	TGC	CCG	GTC	CCG	TGG	TCG	GTC	ATG	ATG	CTG	CGC	GAC	TGC	GAC	GCG
A	P	P	C	P	V	P	W	S	V	M	M	L	R	D	C	D	A
P	R	P	A	R	S	R	G	R	S	*	C	C	A	T	A	T	R
P	A	L	P	G	P	V	V	G	H	D	A	A	R	L	R	R	V
G	S	S	R	S	C	A	L	I	S	C	S	R	Q	A	P	R	D
D	P	V	A	P	A	P	W	S	R	V	P	G	N	L	R	G	I
I	R	F	Q	P	L	L	G	P	D	F	L	V	T	S	G	A	S
ATA	GGC	CTT	GAC	GCC	CTC	GTC	CGG	TCC	TAG	CTT	GTC	CTG	GCA	ACT	CGG	CCG	GCT
51957		51966		51975		51984		51993		52002							
TAT	CCG	GAA	CTG	CGG	GAG	CAG	GCC	AGG	ATC	GAA	CAG	GAC	CGT	TGA	GCC	GGC	CGA
Y	P	E	L	R	E	Q	A	R	I	E	Q	D	R	*	A	G	R
I	R	N	C	G	S	R	P	G	S	N	R	T	V	E	P	A	D
S	G	T	A	G	A	G	Q	D	R	T	G	P	L	S	R	P	I
R	G	E	V	P	R	S	P	R	P	G	G	A	L	R	R	L	A
E	A	K	L	R	D	A	Q	G	L	A	G	R	S	G	V	Y	L
R	P	R	*	G	T	P	K	A	S	P	G	G	R	A	S	T	S
AGA	GCC	GGA	AGT	TGG	CCA	GCC	GAA	CCG	GCT	CCC	GGG	GGG	CGC	TCG	GCT	GCA	TCT
52011		52020		52029		52038		52047		52056							
TCT	CGG	CCT	TCA	ACC	GGT	CGG	CTT	GGC	CGA	GGG	CCC	CCC	GCG	AGC	CGA	CGT	AGA
S	R	P	S	T	G	R	L	G	R	G	P	P	A	S	R	R	R
L	G	L	Q	P	V	G	L	A	E	G	P	P	R	A	D	V	E
S	A	F	N	R	S	A	W	P	R	A	P	R	E	P	T	*	S

P L H E S P P R D D P D G P M G R V
 P C T N A R R G I T L T A P C G A C
 R A P T R E A A S R * P R R A D R A

 CGC CCG TCC ACA AGC GAG CCG CCG GCT AGC AGT CCC AGC GGC CCG TAG GGC GCG
 52065 52074 52083 52092 52101 52110
 GCG GGC AGG TGT TCG CTC GGC GGC CGA TCG TCA GGG TCG CCG GGC ATC CCG CGC

 A G R C S L G G R S S G S P G I P R
 R A G V R S A A D R Q G R R A S R A
 G Q V F A R R P I V R V A G H P A H

 L R R H S G R G P P L I R S R P S L
 W G D I R G G G P H C S A P V R H S
 G A T S A V G A R T A P H P F A T L

 TGG TCG GCA GCT ACG CTG GGG GCG GGC CCA CCG TCC TAC GCC CTT GCG CCA CTC
 52119 52128 52137 52146 52155 52164
 ACC AGC CGT CGA TGC GAC CCC CGC CCG GGT GGC AGG ATG CGG GAA CGC GGT GAG

 T S R R C D P R P G G R M R E R G E
 P A V D A T P A R V A G C G N A V R
 Q P S M R P P P G W Q D A G T R * E

 P P P A I P R L S R S A T A R P P R
 P R P R S P A S H A P P P P G P R A
 P A P A R H P P T L P L R H G P A P

 TCC CCG CCC CCG CGC TAC CCC GCC TCA CTC GCC CTC CGC CAC CGG GCC CCG CCC
 52173 52182 52191 52200 52209 52218
 AGG GGC GGG GGC GCG ATG GGG CGG AGT GAG CGG GAG GCG GTG GCC CGG GGC GGG

 R G G G A M G R S E R E A V A R G G
 G A G A R W G G V S G R R W P G A G
 G R G R D G A E * A G G G G P G R A

 S * S A A C A T T S S * A R A T S A
 A E R P P A P P P R R D R V R R R P
 P K V L R R L R H D V I V C A G D L

 GCC GAA GTG CTC CGC CGC GTC CGC CAC CAG CTG CTA GTG CGT GCG CGG CAG CTC
 52227 52236 52245 52254 52263 52272
 CGG CTT CAC GAG GCG GCG CAG GCG GTG GTC GAC GAT CAC GCA CGC GCC GTC GAG

 R L H E A A Q A V V D D H A R A V E
 G F T R R R R R W S T I T H A P S R
 A S R G G A G G G R R S R T R R R G

 T R A A R S G I W S C S A R R S S S
 R V P P G P V S G H A V P G A R A P
 G Y P R G Q F R D M L L Q G P A L Q

 CGG CAT GCC CGC CGG GAC CTT GGC TAG GTA CTC GTT GAC CGG GCC GCG CTC GAC
 52281 52290 52299 52308 52317 52326
 GCC GTA CGG GCG GCC CTG GAA CCG ATC CAT GAG CAA CTG GCC CGG CGC GAG CTG

A V R A A L E P I H E Q L A R R E L
P Y G R P W N R S M S N W P G A S W
R T G G P G T D P * A T G P A R A G

T M G T A R S D S R V S P L S R R P
P * G P P G A T P G * R P C A A G P
L D D R H G P Q R V E G L A P Q A Q

CTC CAG TAG GGC CAC CGG GCC GAC AGC CTG GAG TGG CTC CCG TCC GAC GCG GAC
52335 52344 52353 52362 52371 52380

GAG GTC ATC CCG GTG GCC CGG CTG TCG GAC CTC ACC GAG GGC AGG CTG CGC CTG

E V I P V A R L S D L T E G R L R L
R S S R W P G C R T S P R A G C A W
G H P G G P A V G P H R G Q A A P G

S T S F P P N R V T P W T S S A P E
P P P S P R T G S P R G P A R R R S
P L H L L A P E P R D A L H E V G A

CCC CTC CAC CTC TTC CCG CCC AAG GCC TGC CAG CCG GTC CAC GAG CTG CGG CCG
52389 52398 52407 52416 52425 52434

GGG GAG GTG GAG AAG GGC GGG TTC CGG ACG GTC GGC CAG GTG CTC GAC GCC GGC

G E V E K G G F R T V G Q V L D A G
G R W R R A G S G R S A R C S T P A
G G G E G R V P D G R P G A R R R L

Y R S R W S R P T P C C V A S W V T
T G A A G A G R P R A A S R R G S P
R V P Q A L E A P D P L L G G V L R

AGC ATG GCC GAC GCG GTC GAG GCG CCC CAG CCC GTC GTC TGG CGG CTG GTC TGC
52443 52452 52461 52470 52479 52488

TCG TAC CGG CTG CGC CAG CTC CGC GGG GTC GGG CAG CAG ACC GCC GAC CAG ACG

S Y R L R Q L R G V G Q Q T A D Q T
R T G C A S S A G S G S R P P T R R
V P A A P A P R G R A A D R R P D G

A A A W R I A S A T R S L M A T C M
P R R G A S R R P Q V P C C R R V C
H G G G L P D G L S Y P V A D G Y V

CAC CGG CGG CGG GTC GCC TAG CGG CTC CGA CAT GCC CTG TCG TAG CGG CAT GTG
52497 52506 52515 52524 52533 52542

GTG GCC GCC GCC CAG CGG ATC GCC GAG GCT GTA CGG GAC AGC ATC GCC GTA CAC

V A A A Q R I A E A V R D S I A V H
W P P P S G S P R L Y G T A S P Y T
G R R P A D R R G C T G Q H R R T H

S T S L G S G R V V A S T T A S C T
R R P C A R A G S W R V P R R A A R
D V H V P G L G P G G C Q D D R Q V

TAG CTG CAC CTG TCC GGG CTC GGG GCC TGG TGG CGT GAC CAG CAG CGC GAC GTG

	52551			52560			52569			52578			52587			52596		
ATC	GAC	GTG	GAC	AGG	CCC	GAG	CCC	CGG	ACC	ACC	GCA	CTG	GTC	GTC	GCG	CTG	CAC	
I	D	V	D	R	P	E	P	R	T	T	A	L	V	V	A	L	H	
S	T	W	T	G	P	S	P	G	P	P	H	W	S	S	R	C	T	
R	R	G	Q	A	R	A	P	D	H	R	T	G	R	R	A	A	R	
S	T	S	A	P	G	S	A	R	R	A	T	S	A	P	P	A	S	
A	P	P	P	P	G	R	P	V	G	P	R	R	P	P	R	P	A	
H	Q	H	L	R	A	G	L	C	A	P	G	D	L	R	A	P	R	
CAC	GAC	CAC	CTC	CGC	CCG	GGG	CTC	CGT	GCG	GCC	CGG	CAG	CTC	CGC	CCG	CCC	CGC	
	52605			52614			52623			52632			52641			52650		
GTG	CTG	GTG	GAG	GCG	GGC	CCC	GAG	GCA	CGC	CGG	GCC	GTC	GAG	GCG	GGC	GGG	GCG	
V	L	V	E	A	G	P	E	A	R	R	A	V	E	A	G	G	A	
C	W	W	R	R	A	P	R	H	A	G	P	S	R	R	A	G	R	
A	G	G	G	G	P	R	G	T	P	G	R	R	G	G	R	G	A	
V	F	F	S	P	G	S	S	A	S	A	P	G	A	A	P	R	S	
S	S	S	A	R	G	A	A	P	R	P	P	A	P	P	L	G	A	
Q	R	L	L	E	A	R	Q	Q	G	L	R	P	R	R	C	A	P	
GAC	TGC	TTC	TTC	GAG	CCG	GGC	GAC	GAC	CGG	CTC	CGC	CCC	GGC	CGC	CGT	CCG	GCC	
	52659			52668			52677			52686			52695			52704		
CTG	ACG	AAG	AAG	CTC	GGC	CCG	CTG	CTG	GCC	GAG	GCG	GGG	CCG	GCG	GCA	GGC	CGG	
L	T	K	K	L	G	P	L	L	A	E	A	G	P	A	A	G	R	
*	R	R	S	S	A	R	C	W	P	R	R	G	R	R	Q	A	G	
D	E	E	A	R	P	A	A	G	R	G	G	A	G	G	R	P	A	
R	M	S	N	A	P	R	A	A	R	P	R	A	S	A	A	T	A	
A	C	A	T	R	P	A	P	R	V	P	V	P	A	P	P	R	P	
Q	A	H	Q	E	R	P	P	G	C	P	S	P	R	Q	R	G	H	
GAC	GCG	TAC	GAC	AAG	CGC	CCC	GCC	CGG	CGT	GCC	CCT	GCC	CGC	GAC	CGC	CGG	CAC	
	52713			52722			52731			52740			52749			52758		
CTG	CGC	ATG	CTG	TTC	GCG	GGG	CGG	GCC	GCA	CGG	GGA	CGG	GCG	CTG	GCG	GCC	GTG	
L	R	M	L	F	A	G	R	A	A	R	G	R	A	L	A	A	V	
C	A	C	C	S	R	G	G	P	H	G	D	G	R	W	R	P	W	
A	H	A	V	R	G	A	G	R	T	G	T	G	A	G	G	R	G	
S	I	R	A	S	V	S	C	A	S	W	S	P	T	G	G	S	S	
P	S	G	R	V	S	R	A	P	R	G	R	R	H	A	V	A	A	
R	L	D	A	C	Q	G	L	L	G	V	V	V	T	H	W	R	Q	
CGC	CTC	TAG	GCG	CGT	GAC	TGG	CTC	GTC	CGG	CTG	GTG	CTG	CCA	CAC	GGT	GGC	GAC	
	52767			52776			52785			52794			52803			52812		
GCG	GAG	ATC	CGC	GCA	CTG	ACC	GAG	CAG	GCC	GAC	CAC	GAC	GGT	GTG	CCA	CCG	CTG	
A	E	I	R	A	L	T	E	Q	A	D	H	D	G	V	P	P	L	
R	R	S	A	H	*	P	S	R	P	T	T	T	V	C	H	R	C	
G	D	P	R	T	D	R	A	G	R	P	R	R	C	A	T	A	A	
A	W	A	E	T	S	R	S	R	R	G	P	E	S	T	A	A	R	
R	G	P	R	P	R	G	A	A	G	G	P	S	R	P	P	R	G	

E	G	E	G	R	D	V	Q	Q	A	A	R	A	G	L	H	G	G
GAG	CGG	GTC	CGG	AGC	CAG	CTG	GAC	GAC	GCG	GCG	GGC	CCG	AGG	CTC	CAC	CGG	CGG
	52821			52830			52839			52848		52857				52866	
CTC	GCC	CAG	GCC	TCG	GTC	GAC	CTG	CTG	CGC	CGC	CCG	GGC	TCC	GAG	GTG	GCC	GCC
L	A	Q	A	S	V	D	L	L	R	R	P	G	S	E	V	A	A
S	P	R	P	R	S	T	C	C	A	A	R	A	P	R	W	P	P
R	P	G	L	G	R	P	A	A	P	P	G	L	R	G	G	R	P
T	S	K	S	S	R	E	A	S	Y	*	P	R	S	A	S	S	E
P	R	S	R	A	A	S	R	R	T	S	R	G	A	R	R	A	R
Q	D	V	E	L	Q	A	G	G	L	V	V	A	Q	E	G	L	E
GAC	CAG	CTG	AAG	CTC	GAC	GCG	AGG	CGG	CTC	ATG	ATG	CCG	GAC	GAG	CGG	CTC	GAG
	52875			52884			52893			52902		52911				52920	
CTG	GTC	GAC	TTC	GAG	CTG	CGC	TCC	GCC	GAG	TAC	TAC	GGC	CTG	CTC	GCC	GAG	CTC
L	V	D	F	E	L	R	S	A	E	Y	Y	G	L	L	A	E	L
W	S	T	S	S	C	A	P	P	S	T	T	A	C	S	P	S	S
G	R	L	R	A	A	L	R	R	V	L	R	P	A	R	R	A	L
P	R	A	G	S	G	A	A	A	S	P	N	R	G	S	S	T	A
P	G	R	G	R	G	R	P	P	R	P	T	G	A	P	R	P	P
R	A	A	G	G	V	G	R	R	G	L	P	E	Q	R	V	L	H
AGC	CCG	GCG	CGG	GGG	CTG	GGG	CGC	CGC	CGG	CTC	CCC	AAG	GAC	GGC	CTG	CTC	CAC
	52929			52938			52947			52956		52965				52974	
TCG	GGC	CGC	GCC	CCC	GAC	CCC	GCG	GCG	GCC	GAG	GGG	TTC	CTG	CCG	GAC	GAG	GTG
S	G	R	A	P	D	P	A	A	A	E	G	F	L	P	D	E	V
R	A	A	P	P	T	P	R	R	P	R	G	S	C	R	T	R	W
G	P	R	P	R	P	R	G	G	R	G	V	P	A	G	R	G	G
S	R	T	L	V	W	A	S	S	S	V	C	R	R	T	E	S	R
R	A	P	*	S	G	P	A	R	R	C	A	G	G	P	R	V	A
G	L	P	D	P	G	L	R	E	V	V	R	V	A	P	D	*	Q
CGG	CTC	GCC	CAG	TCC	TGG	GTC	CGC	GAG	CTG	CTG	TGC	GTG	GCG	GCC	CAG	AGT	GAC
	52983			52992			53001			53010		53019				53028	
GCC	GAG	CGG	GTC	AGG	ACC	CAG	GCG	CTC	GAC	GAC	ACG	CAC	CGC	CGG	GTC	TCA	CTG
A	E	R	V	R	T	Q	A	L	D	D	T	H	R	R	V	S	L
P	S	G	S	G	P	R	R	S	T	T	R	T	A	G	S	H	C
R	A	G	Q	D	P	G	A	R	R	H	A	P	P	G	L	T	A
P	*	W	A	K	P	V	R	K	A	R	A	W	R	R	V	I	R
R	S	G	P	R	R	C	G	S	R	G	R	G	A	G	S	S	G
A	A	V	L	G	E	A	G	A	E	G	E	G	L	A	P	R	D
GCG	CCG	ATG	GTC	CGG	AAG	CCG	TGG	GCG	AAG	CGG	GAG	CGG	GTC	GCG	GCC	TGC	TAG
	53037			53046			53055			53064		53073				53082	
CGC	GGC	TAC	CAG	GCC	TTC	GGC	ACC	CGC	TTC	GCC	CTC	GCC	CAG	CGC	CGG	ACG	ATC
R	G	Y	Q	A	F	G	T	R	F	A	L	A	Q	R	R	T	I
A	A	T	R	P	S	A	P	A	S	P	S	P	S	A	G	R	S
R	L	P	G	L	R	H	P	L	R	P	R	P	A	P	D	D	P

P S S I P S P L V I W A M A A S A C
R R R S P A R C S S G P W R R V R A
E A V L H P E A L R D L G D G C E R

GAG CCG CTG CTC TAC CCC GAG CCG TTC TGC TAG GTC CGG TAG CGG CGT GAG CGC
53091 53100 53109 53118 53127 53136
CTC GGC GAC GAG ATG GGG CTC GGC AAG ACG ATC CAG GCC ATC GCC GCA CTC GCG

L G D E M G L G K T I Q A I A A L A
S A T R W G S A R R S R P S P H S R
R R R D G A R Q D D P G H R R T R A

R A A S P C L W K M T T Q G A L T S
G L R R P A S G S * P P R D P W R A
V * G G L P L A V E H H D T R G A H

GTG GAT CGG CGG CTC CCC GTC TCG GTG AAG TAC CAC CAG ACA GGC CGG TCG CAC
53145 53154 53163 53172 53181 53190
CAC CTA GCC GCC GAG GGG CAG AGC CAC TTC ATG GTG GTC TGT CCG GCC AGC GTG

H L A A E G Q S H F M V V C P A S V
T * P P R G R A T S W W S V R P A C
P S R R G A E P L H G G L S G Q R A

I L Q V R S V S F R L T S R T V G S
S * S S G P S R S A C H A A R S V A
Q D V P G P L G L L A T H Q A H C R

GAC TAG TTG ACC TGG GCC CTC TGG CTC TTC GCG TCA CAC GAC GCG CAC TGT GGC
53199 53208 53217 53226 53235 53244
CTG ATC AAC TGG ACC CGG GAG ACC GAG AAG CGC AGT GTG CTG CGC GTG ACA CCG

L I N W T R E T E K R S V L R V T P
* S T G P G R P R S A V C C A * H R
D Q L D P G D R E A Q C A A R D T A

C P G S R C S A N A S Q F P R P P T
A R G R G A P R T R R S S P A P R R
Q V A G V P L V R E G V P L P P A A

GAC GTG CCG GGG CTG GCC GTC CTG CGC AAG CGG CTG ACC TTC CCC GCC CCG CCG
53253 53262 53271 53280 53289 53298
CTG CAC GGC CCC GAC CGG CAG GAC GCG TTC GCC GAC TGG AAG GGG CGG GGC GGC

L H G P D R Q D A F A D W K G R G G
C T A P T G R T R S P T G R G G A A
A R P R P A G R V R R L E G A G R R

A T V V K S A S R P K G A G P P P S
R P * W R R R A A P S G P A R P R R
D R D G G E V R Q P A E R R G P A A

CAG CGC CAG TGG TGG AAG CTG CGC GAC GCC CCG AAG GGC CGC GGG CCC CCG CCG
53307 53316 53325 53334 53343 53352
GTC GCG GTC ACC ACC TTC GAC GCG CTG CGG GGC TTC CCG GCG CCC GGG GGC GGC

V A V T T F D A L R G F P A P G G G
S R S P P S T R C G A S R R P G A A
R G H H L R R A A G L P G A R G R R

T P M S T T S S A W * T F F G R V R
P P C A R R P R P G S R S S D G S G
L H A H E D H V L G V V H L I G P G

CTC CAC CCG TAC GAG CAG CAC CTG CTC CGG GTG ATG CAC TTC TTA GGG GCC TGG
53361 53370 53379 53388 53397 53406
GAG GTG GGC ATG CTC GTC GTG GAC GAG GCC CAC TAC GTG AAG AAT CCC CGG ACC

E V G M L V V D E A H Y V K N P R T
R W A C S S W T R P T T * R I P G P
G G H A R R G R G P L R E E S P D P

R E M A T E S H A S C Q S R T S N R
G S W P R R R T P P A S R G R A T G
A A G H G D G L P R L V A V A H Q E

GCG GCG AGG TAC CGG CAG AGG CTC ACC CGC CTC GTG ACG CTG GCG CAC GAC AAG
53415 53424 53433 53442 53451 53460
CGC CGC TCC ATG GCC GTC TCC GAG TGG GCG GAG CAC TGC GAC CGC GTG CTG TTC

R R S M A V S E W A E H C D R V L F
A A P W P S P S G R S T A T A C C S
P L H G R L R V G G A L R P R A V P

V P V G M S F R T S S N R L R T R I
S R Y A W P S G R R P T G C G P A S
Q G T R G H L V A D L L E A A Q H P

GAC TGG CCA TGC GGG TAC CTC TTG GCG CAG CTC CTC AAG GCG TCG GAC CAC GCC
53469 53478 53487 53496 53505 53514
CTG ACC GGT ACG CCC ATG GAG AAC CGC GTC GAG GAG TTC CGC AGC CTG GTG CGG

L T G T P M E N R V E E F R S L V R
* P V R P W R T A S R S S A A W C G
D R Y A H G E P R R G V P Q P G A D

R W G S S A S A M S S C S P T A P E
G G A R A P P P W R R A R R P P S
D E L G L Q R L G D V L V V A H R A

TAG GAG GTC GGG CTC GAC CGC CTC CGG TAG CTG CTC GTG CTG CCG CAC CGC CCG
53523 53532 53541 53550 53559 53568
ATC CTC CAG CCC GAG CTG GCG GAG GCC ATC GAC GAG CAC GAC GGC GTG GCG GGC

I L Q P E L A E A I D E H D G V A G
S S S P S W R R P S T S T T A W R A
P P A R A G G G H R R A R R R G G L

L A N R L A T A G T * R R R L W C S
W P T G C P P R V P R D A G C G A P
G L R E A L R D C R D I Q A A V L L

AGG TTC CGC AAG GCG TTC CGC CAG CGT GGC CAG ATA GAC GCG GCG TTG GTC GTC

53577 53586 53595 53604 53613 53622
 TCC AAG GCG TTC CGC AAG GCG GTC GCA CCG GTC TAT CTG CGC CGC AAC CAG CAG

 S K A F R K A V A P V Y L R R N Q Q
 P R R S A R R S H R S I C A A T S R
 Q G V P Q G G R T G L S A P Q P A G

 T R V S S G A S W C V S S H S S G L
 R G * R V G P A G A C P R T P P A W
 V D E G F E R R E L V R V L P L L G

 CTG CAG GAG TGG CTT GAG GGC CGC GAG GTC GTG TGC CTG CTC ACC CTC CTC GGG
 53631 53640 53649 53658 53667 53676
 GAC GTC CTC ACC GAA CTC CCG GCG CTC CAG CAC ACG GAC GAG TGG GAG GAG CCC

 D V L T E L P A L Q H T D E W E E P
 T S S P N S R R S S T R T S G R S P
 R P H R T P G A P A H G R V G G A Q

 V A S S S A * R S A T R A P L K M A
 C P P R P P R G R P R A R R C S * P
 A R R V L L G V A L G H A G A V E H

 TCG TGC CGC CTG CTC CTC CGG ATG GCG CTC CGG CAC GCG CGG CCG TTG AAG TAC
 53685 53694 53703 53712 53721 53730
 AGC ACG GCG GAC GAG GAG GCC TAC CGC GAG GCC GTG CGC GCC GGC AAC TTC ATG

 S T A D E E A Y R E A V R A G N F M
 A R R T R R P T A R P C A P A T S W
 H G G R G G L P R G R A R R Q L H G

 I R L A A Y A R G S R D A F T C R S
 S A C P P T R A D P A T R S P A G A
 R H A P R R V R T R L P G R L H V P

 CGC TAC GCG TCC CGC CGC ATG CGC GCA GGC CTC GCC AGG CGC TTC CAC GTG GCC
 53739 53748 53757 53766 53775 53784
 GCG ATG CGC AGG GCG GCG TAC GCG CGT CCG GAG CGG TCC GCG AAG GTG CAC CGG

 A M R R A A Y A R P E R S A K V H R
 R C A G R R T R V R S G P R R C T G
 D A Q G G V R A S G A V R E G A P A

 R S I A S S A A S F P S F T T T N E
 A R S R Q P P R R S R A S P R P T R
 Q A L D S L L G G L V P Q L D H H E

 GAC GCG CTC TAG CGA CTC CTC CGG CGG CTC TTG CCC GAC TTC CAG CAC CAC AAG
 53793 53802 53811 53820 53829 53838
 CTG CGC GAG ATC GCT GAG GAG GCC GCC GAG AAC GGG CTG AAG GTC GTG GTG TTC

 L R E I A E E A A E N G L K V V V F
 C A R S L R R P P R T G * R S W C S
 A R D R * G G R R E R A E G R G V L

 A N R S T S A T T R S A S V S A A P
 R T G P R V P L P V R P A * P R P R

G	R	E	P	V	Y	Q	C	H	Y	A	L	R	E	R	V	R	G
AGG	CGC	AAG	GCC	CTG	CAT	GAC	CGT	CAC	CAT	GCG	CTC	CGC	GAG	TGC	CTG	CGC	CGG
	53847		53856				53865			53874			53883			53892	
TCC	GCG	TTC	CGG	GAC	GTA	CTG	GCA	GTG	GTA	CGC	GAG	GCG	CTC	ACG	GAC	GCG	GCC
S	A	F	R	D	V	L	A	V	V	R	E	A	L	T	D	A	A
P	R	S	G	T	Y	W	Q	W	Y	A	R	R	S	R	T	R	P
R	V	P	G	R	T	G	S	G	T	R	G	A	H	G	R	G	R
G	P	A	S	A	P	G	C	S	S	G	P	D	S	S	P	R	A
A	L	P	P	L	L	G	A	P	R	A	P	T	R	L	P	A	L
P	W	P	R	F	C	A	R	L	V	L	R	P	G	F	L	P	S
CCC	GGT	CCC	CGC	CTT	CGT	CCG	GGC	GTC	CTG	CTC	GGC	CCC	AGG	CTT	CTC	CCC	GCT
	53901		53910				53919			53928			53937			53946	
GGG	CCA	GGG	GCG	GAA	GCA	GGC	CCG	CAG	GAC	GAG	CCG	GGG	TCC	GAA	GAG	GGG	CGA
G	P	G	A	E	A	G	P	Q	D	E	P	G	S	E	E	G	R
G	Q	G	R	K	Q	A	R	R	T	S	R	G	P	K	R	G	E
A	R	G	G	S	R	P	A	G	R	A	G	V	R	R	G	A	S
V	A	S	A	R	P	G	A	T	S	L	A	A	V	G	S	V	G
W	L	P	H	A	P	G	P	P	P	F	P	L	W	A	P	C	A
G	C	R	I	R	P	A	R	R	H	F	P	C	G	R	R	V	R
CGG	TGT	CGC	CTA	CGC	GCC	CCG	GGC	CGC	CAC	CTT	TCC	CGT	CGG	TGC	GGC	CTG	TGC
	53955		53964				53973			53982			53991			54000	
GCC	ACA	GCG	GAT	GCG	CGG	GGC	CCG	GCG	GTG	GAA	AGG	GCA	GCC	ACG	CCG	GAC	ACG
A	T	A	D	A	R	G	P	A	V	E	R	A	A	T	P	D	T
P	Q	R	M	R	G	A	R	R	W	K	G	Q	P	R	R	T	R
H	S	G	C	A	G	P	G	G	G	K	G	S	H	A	G	H	A
P	W	S	S	I	A	A	T	R	S	V	G	A	G	V	S	R	V
P	G	P	P	S	R	R	R	V	P	C	V	P	A	S	P	A	S
R	A	L	L	L	D	G	G	Y	P	V	C	R	R	R	R	L	P
GGC	CCG	GTC	CTC	CTC	TAG	CGG	CGG	CAT	GCC	CTG	TGT	GGC	CGC	GGC	TGC	CTC	GCC
	54009		54018				54027			54036			54045			54054	
CCG	GGC	CAG	GAG	GAG	ATC	GCC	GCC	GTA	CGG	GAC	ACA	CCG	GCG	CCG	ACG	GAG	CGG
P	G	Q	E	E	I	A	A	V	R	D	T	P	A	P	T	E	R
R	A	R	R	R	S	P	P	Y	G	T	H	R	R	R	R	S	G
G	P	G	G	D	R	R	R	T	G	H	T	G	A	D	G	A	D
P	G	R	L	T	G	P	G	R	A	P	R	T	N	P	G	I	E
P	A	A	C	P	A	P	V	A	P	R	A	H	T	R	A	S	R
R	P	R	A	P	H	R	S	R	P	G	P	T	H	E	P	R	D
TGC	CCC	GGC	GCG	TCC	CAC	GGC	CCT	GGC	GCC	CGG	CCC	GCA	CAC	AAG	CCC	GGC	TAG
	54063		54072				54081			54090			54099			54108	
ACG	GGG	CCG	CGC	AGG	GTG	CCG	GGA	CCG	CGG	GCC	GGG	CGT	GTG	TTC	GGG	CCG	ATC
T	G	P	R	R	V	P	G	P	R	A	G	R	V	F	G	P	I
R	G	R	A	G	C	R	D	R	G	P	G	V	C	S	G	R	S
G	A	A	Q	G	A	G	T	A	G	R	A	C	V	R	A	D	L

P L T G G A R R C C S T S S K A A A
 P C R A A R G G V A A R R R S R R R
 R A A H R G G A S L L E D V V E G G

 AGC CCG TCG CAC GGC GGG CGG GCG GCT GTC GTC GAG CAG CTG CTG AAG CGG CGG
 54117 54126 54135 54144 54153 54162
 TCG GGC AGC GTG CCG CCC GCC CGC CGA CAG CAG CTC GTC GAC GAC TTC GCC GCC

 S G S V P P A R R Q Q L V D D F A A
 R A A C R P P A D S S S S T T S P P
 G Q R A A R P P T A A R R R L R R R

 G P * A T S S A C I S A P P T P R L
 A R D R R V A R A S R P L R L P G *
 R G T V G Y Q E R L D L C A S H A E

 CGC GGG CCA GTG CGG CAT GAC GAG CGC GTC TAG CTC CGT CCG CCT CAC CCG GAG
 54171 54180 54189 54198 54207 54216
 GCG CCC GGT CAC GCC GTA CTG CTC GCG CAG ATC GAG GCA GGC GGA GTG GGC CTC

 A P G H A V L L A Q I E A G G V G L
 R P V T P Y C S R R S R Q A E W A S
 A R S R R T A R A D R G R R S G P Q

 M C A A E T T I R Q S G C S L G V T
 C A P R R R P S G R R A A A * A S R
 V H L G G G H H D E A L R L E L R G

 TTG TAC GTC CGG CGG AGG CAC CAC TAG GAG ACG CTC GGC GTC GAG TTC GGC TGG
 54225 54234 54243 54252 54261 54270
 AAC ATG CAG GCC GCC TCC GTG GTG ATC CTC TGC GAG CCG CAG CTC AAG CCG ACC

 N M Q A A S V V I L C E P Q L K P T
 T C R P P P W * S S A S R S S S R P
 H A G R L R G D P L R A A A Q A D R

 S C W A T A R A W R M P W T R E T R
 R V G P P R G H G G C P G P G S P G
 D F V L R D G T G V A H A L D A R D

 CAG CTT GTG GTC CGC CAG CGG GCA CGG GTG GCG TAC CCG GTC CAG GCG AGC CAG
 54279 54288 54297 54306 54315 54324
 GTC GAA CAC CAG GCG GTC GCC CGT GCC CAC CGC ATG GGC CAG GTC CGC TCG GTC

 V E H Q A V A R A H R M G Q V R S V
 S N T R R S P V P T A W A R S A R S
 R T P G G R P C P P H G P G P L G P

 T C R R S Q V S P T S S R R T R I S
 R A G G A R C P L P P R V G P A S A
 A H V A Q E A R F P H V F A Q H P H

 GCG CAC GTG GCG GAC GAG ACG TGC CTT CCC CAC CTG CTT GCG GAC CAC GCC TAC
 54333 54342 54351 54360 54369 54378
 CGC GTG CAC CGC CTG CTC TGC ACG GAA GGG GTG GAC GAA CGC CTG GTG CGG ATG

R V H R L L C T E G V D E R L V R M
 A C T A C S A R K G W T N A W C G C
 R A P P A L H G R G G R T P G A D A
 S F L D R R N S A * A R R L A T A S
 P S C T G G T R R K R G G C R P R R
 Q L V L G A Q E V S V G A A A R D G

 GAC CTC TTG TTC AGG GCG GAC AAG CTG CGA ATG CGG GCG GCG TCG CGC CAG CGG
 54387 54396 54405 54414 54423 54432
 CTG GAG AAC AAG TCC CGC CTG TTC GAC GCT TAC GCC CGC CGC AGC GCG GTC GCC

 L E N K S R L F D A Y A R R S A V A
 W R T S P A C S T L T P A A A R S P
 G E Q V P P V R R L R P P Q R G R R

 D V G S A T S M E S R A R A R W M T
 T S V P R R R C R P G R G P G G C R
 L R C R V G D V D R V E G Q G A V D

 CTC AGC TGT GGC CTG CGG CAG CTG TAG AGC CTG GAG CGG GAC CGG GCG GTG TAG
 54441 54450 54459 54468 54477 54486
 GAG TCG ACA CCG GAC GCC GTC GAC ATC TCG GAC CTC GCC CTG GCC CGC CAC ATC

 E S T P D A V D I S D L A L A R H I
 S R H R T P S T S R T S P W P A T S
 V D T G R R R H L G P R P G P P H R

 S S S C A R N P A H T G T A A G I R
 P P P V P V T P P T L E P R R A * E
 H L L F L C P Q P R S N R D G R R N

 CAC CTC CTC CTT GTC CGT GCC AAC CCC CGC ACT CAA GGC CAG CGG CGC GGA TAA
 54495 54504 54513 54522 54531 54540
 GTG GAG GAG GAA CAG GCA CGG TTG GGG GCG TGA GTT CCG GTC GCC GCG CCT ATT

 V E E E Q A R L G A * V P V A A P I
 W R R N R H G W G R E F R S P R L F
 G G G T G T V G G V S S G R R A Y S

 H H R L H L G A L R H P Q G P P H P
 T T A S T F A R W A T P S V Q L T P
 P P P P P S P G G P P P A S R S P P

 GCC ACC ACC GCC TCC ACT TCC GGG CGG TCC GCC ACC CCG ACT GGA CCT CCC ACC
 54549 54558 54567 54576 54585 54594
 CGG TGG TGG CGG AGG TGA AGG CCC GCC AGG CGG TGG GGC TGA CCT GGA GGG TGG

 R W W R R * R P A R R W G * P G G W
 G G G G G E G P P G G G A D L E G G
 V V A E V K A R Q A V G L T W R V G

 R R G P H E Q L R P H P H P P L P
 G D E P T N K S D R I H I T H P C L
 A T K R P T R P T A S T S P T P A S

 CCG GCA GAA GGC CCC ACA AGA ACC TCA GCG CCT ACA CCT ACC ACA CCC CCG TCT

54603 54612 54621 54630 54639 54648
 GGC CGT CTT CCG GGG TGT TCT TGG AGT CGC GGA TGT GGA TGG TGT GGG GGC AGA

 G R L P G C S W S R G C G W C G G R
 A V F R G V L G V A D V D G V G A E
 P S S G V F L E S R M W M V W G Q R

 C G R R V P R G R Q R Q L E V Q V V
 A V E V C Q G G E S G S Y S S K F W
 P L R S A S A A R A A A T A R S S G

 CCC GTT GGA GCT GCG TGA CCG GCG GGA GCG ACG GCG ACA TCG AGC TGA ACT TGG
 54657 54666 54675 54684 54693 54702
 GGG CAA CCT CGA CGC ACT GGC CGC CCT CGC TGC CGC TGT AGC TCG ACT TGA ACC

 G Q P R R T G R P R C R C S S T * T
 G N L D A L A A L A A V A R L E P
 A T S T H W P P S L P L * L D L N H

 * T R H E N I E W W V T * C A R R S
 E L A T S M * R G G S P R A P E E V
 S L H P A * K D G V L R D L L S K S

 TGA GTT CAC GCC ACG AGT AAA TAG AGG GTG GTC TGC CAG ATC GTC CGA GAA GCT
 54711 54720 54729 54738 54747 54756
 ACT CAA GTG CGG TGC TCA TTT ATC TCC CAC CAG ACG GTC TAG CAG GCT CTT CGA

 T Q V R C S F I S H Q T V * Q A L R
 L K C G A H L S P T R R S S R L F D
 S S A V L I Y L P P D G L A G S S T

 R R L * P R H G C C R M S A R W S P
 G A S D H G T V A A D C V Q A G P H
 E Q P T M A Q S R L M A Y K R A L I

 GAG GAC GCC TCA GTA CCG GAC ACT GGC GTC GTA GCG TAT GAA CGC GCG GTC CTA
 54765 54774 54783 54792 54801 54810
 CTC CTG CGG AGT CAT GGC CTG TGA CCG CAG CAT CGC ATA CTT GCG CGC CAG GAT

 L L R S H G L * P Q H R I L A R Q D
 S C G V M A C D R S I A Y L R A R M
 P A E S W P V T A A S H T C A P G W

 C R T R A L F G S A A V N A R P T P
 V G R G P W F G V P Q W T P E R H L
 S V E D P G S V W Q S G R Q S E T Y

 CCT GTG GAG CAG GCC CGG TCT TTG GGT GAC CGA CGG TGC AAC CGA GAG CCA CAT
 54819 54828 54837 54846 54855 54864
 GGA CAC CTC GTC CGG GCC AGA AAC CCA CTG GCT GCC ACG TTG GCT CTC GGT GTA

 G H L V R A R N P L A A T L A L G V
 D T S S G P E T H W L P R W L S V *
 T P R P G Q K P T G C H V G S R C R

 W T S T I P R R W S P S P A T W D P
 G P A P S R A D G P P H L P R G T R

A L H Q H D P T E L L T F P G D L G

CCG GTC CAC GAC CAC TAG CCC GCA GAG GTC CTC CCA CTT CCC CGG CAG GTC AGG
54873 54882 54891 54900 54909 54918
GGC CAG GTG CTG GTG ATC GGG CGT CTC CAG GAG GGT GAA GGG GCC GTC CAG TCC

G Q V L V I G R L Q E G E G A V Q S
A R C W * S G V S R R V K G P S S P
P G A G D R A S P G G * R G R P V R

T H P P A C P Y F S S P S G R S N P
R T R L H A H T S V P P R A G P T R
A H A S T R M P L F Q L A L G P L E

CCG CAC ACG CCT CCA CGC GTA CCC ATC TTT GAC CTC CCG CTC GGG GCC CTC AAG
54927 54936 54945 54954 54963 54972
GGC GTG TGC GGA GGT GCG CAT GGG TAG AAA CTG GAG GGC GAG CCC CGG GAG TTC

G V C G G A H G * K L E G E P R E F
A C A E V R M G R N W R A S P G S S
R V R R C A W V E T G G R A P G V R

A S A Y T A S S T A T S K R G G S N
R V R T P P P A P R P P S E A G R T
A C E R L H R L Q D R H V K P G G L

CCG CGT GAG CGC ATC CAC CGC CTC GAC CAG CGC CAC CTG AAA GCC GGG GGG CTC
54981 54990 54999 55008 55017 55026
GGC GCA CTC GCG TAG GTG GCG GAG CTG GTC GCG GTG GAC TTT CGG CCC CCC GAG

G A L A * V A E L V A V D F R P P E
A H S R R W R S W S R W T F G P P S
R T R V G G G A G R G G L S A P R V

S T C C R S G C S S A * * R R A S A
R H V A G A G V R H L E D D A P V Q
E I Y L V P E W V I F S M M P P C K

AAG CTA CAT GTC GTG GCC GAG GGT GTG CTA CTT CGA GTA GTA GCC GCC CGT GAA
55035 55044 55053 55062 55071 55080
TTC GAT GTA CAG CAC CGG CTC CCA CAC GAT GAA GCT CAT CAT CGG CGG GCA CTT

F D V Q H R L P H D E A H H R R A L
S M Y S T G S H T M K L I I G G H L
R C T A P A P T R * S S S S A G T C

T C S R R A N S A V R R R P K W S T
P A P D G P T R H S G G D Q S G A R
R H L I E Q R E I R G E T K A E L E

CGC CAC GTC CTA GAG GAC CGC AAG CTA CGC TGG GAG GCA GAA CCG AAG GTC GAG
55089 55098 55107 55116 55125 55134
GCG GTG CAG GAT CTC CTG GCG TTC GAT GCG ACC CTC CGT CTT GGC TTC CAG CTC

A V Q D L L A F D A T L R L G F Q L
R C R I S W R S M R P S V L A S S S
G A G S P G V R C D P P S W L P A R

R T T R R Y A S A C S R A P T T A P
 G R R V A T R A R A P G R P R L R P
 D E D Y P P V R E R L V A R A Y D R

 CAG GAG CAG CAT GCC GCC ATG CGC GAG CGC GTC CTG GCG CGC CCG CAT CAG CGC
 55143 55152 55161 55170 55179 55188
 GTC CTC GTC GTA CGG CGG TAC GCG CTC GCG CAG GAC CGC GCG GGC GTA GTC GCG

 V L V V R R Y A L A Q D R A G V V A
 S S S Y G G T R S R R T A R A * S R
 P R R T A V R A R A G P R G R S R G

 R S C A P C S P T T T G A C P S P R
 D P A P R A P R R Q R V L V P L H G
 T Q L L G P L V A N D Y W C L S I A

 CCA GAC CTC GTC CGG CCC GTC CTG CCG CAA CAG CAT GGT CGT GTC CCT CTA CCG
 55197 55206 55215 55224 55233 55242
 GGT CTG GAG CAG GCC GGG CAG GAC GGC GTT GTC GTA CCA GCA CAG GGA GAT GGC

 G L E Q A G Q D G V V V P A Q G D G
 V W S R P G R T A L S Y Q H R E M A
 S G A G R A G R R C R T S T G R W P

 G S T C W T S S R S C R S S T S R R
 G A R A G H V A G R V A P V P R D G
 E R E H V M Y Q E A F L P F Q D I E

 GAG GGC GAG CAC GTG GTA CAT GAC GAG GCG CTT GTC GCC CTT GAC CAG CTA GAG
 55251 55260 55269 55278 55287 55296
 CTC CCG CTC GTG CAC CAT GTA CTG CTC CGC GAA CAG CGG GAA CTG GTC GAT CTC

 L P L V H H V L L R E Q R E L V D L
 S R S C T M Y C S A N S G N W S I S
 P A R A P C T A P R T A G T G R S P

 C T R S G P L W R A R R T S S N T W
 A H E R G R C G V H G E H R P T R G
 P M N E V G A A L T G K T D L L E D

 GCC GTA CAA GAG CTG GGG CCG TCG GTT GCA CGG GAA GCA CAG CTC CTC AAG CAG
 55305 55314 55323 55332 55341 55350
 CGG CAT GTT CTC GAC CCC GGC AGC CAA CGT GCC CTT CGT GTC GAG GAG TTC GTC

 R H V L D P G S Q R A L R V E E F V
 G M F S T P A A N V P F V S R S S
 A C S R P R Q P T C P S C R G V R P

 R R P S N S C C P G G G R N S R R S
 A G P R T R A A P A A E G T R D V R
 L A Q A L E L L L P R R G Q E I S A

 GTC GCG GAC CCG CTC AAG CTC GTC GTC CCC GGC GGA GGG GAC AAG CTA GCT GCG
 55359 55368 55377 55386 55395 55404
 CAG CGC CTG GGC GAG TTC GAG CAG CAG GGG CCG CCT CCC CTG TTC GAT CGA CGC

Q R L G E F E Q Q G P P P L F D R R
 S A W A S S S S R G R L P C S I D A
 A P G R V R A A G A A S P V R S T R

 P R R T P S S R K A W P V R R S A R
 H D G R R R P G S Q G P F E A H L G
 I T E E D A L V A K G L S S Q T F G

 CTA CCA GAG GAG CAG CCG CTC CTG GCG AAA CGG GTC CCT TGA GAC GCA CTT CGG
 55413 55422 55431 55440 55449 55458
 GAT GGT CTC CTC GTC GGC GAG GAC CGC TTT GCC CAG GGA ACT CTG CGT GAA GCC

 D G L L V G E D R F A Q G T L R E A
 M V S S S A R T A L P R E L C V K P
 W S P R R R G P L C P G N S A * S P

 R R A P P R C R S A W W G C P R C T
 G G Q P R G A D A Q G G D A H D V P
 A A K R A A Q M Q K G V M R M T S L

 GCG GCG GAA CGC CCG CCG GAC GTA GAC GAA CGG GTG GTA GGC GTA CCA GCT GTC
 55467 55476 55485 55494 55503 55512
 CGC CGC CTT GCG GGC GGC CTG CAT CTG CTT GCC CAC CAT CCG CAT GGT CGA CAG

 R R L A G G L H L L A H H P H G R Q
 A A L R A A C I C L P T I R M V D R
 P P C G R P A S A C P P S A W S T G

 R R G R C S R P T * A P R V G W V C
 E E E A A A E Q L E H Q G L E G C A
 N K K R P L K K S N **(M)** S A * S G V R **XAN**

 CAA GAA GAA GGC GCC GTC GAA GAA CCT CAA GTA CGA CCG GAT TGA GGG GTG TGC
 55521 55530 55539 55548 55557 55566
 GTT CTT CTT CCG CGG CAG CTT CTT GGA GTT CAT GCT GGC CTA ACT CCC CAC ACG

 V L L P R Q L L G V H A G L T P H T
 F F F R G S F L E F M L A * L P T R
 S S S A A A S W S S C W P N S P H A

 G Y P G P T S G Y L I R T R T C A S
 G M L V R H R G T C F G L V P A R V
 V W L S G T D V R V F D S Y P H V C

 GTG GGT ATT CCT GGG CCA CAG CTG GGC ATG TTT TAG GCT CAT GCC CAC GTG CGT
 55575 55584 55593 55602 55611 55620
 CAC CCA TAA GGA CCC GGT GTC GAC CCG TAC AAA ATC CGA GTA CGG GTG CAC GCA

 H P * G P G V D P Y K I R V R V H A
 T H K D P V S T R T K S E Y G C T H
 P I R T R C R P V Q N P S T G A R T

 I F A L * A A R C E D R S R R L R V
 S L L W D R Q A V N T G H V V C V F
 Q Y F G I V S R S M R G T F S A F S

 GAC TAT TTT CGG TTA GTG CGA CGC GCT GTA AGC AGG GCA CTT GCT GCG TTT GCT

	55629	55638	55647	55656	55665	55674											
CTG	ATA	AAA	GCC	AAT	CAC	GCT	GCG	CGA	CAT	TCG	TCC	CGT	GAA	CGA	CGC	AAA	CGA
L	I	K	A	N	H	A	A	R	H	S	S	R	E	R	R	K	R
*	*	K	P	I	T	L	R	D	I	R	P	V	N	D	A	N	E
D	K	S	Q	S	R	C	A	T	F	V	P	*	T	T	Q	T	N
G	G	G	A	R	G	T	R	R	V	C	G	G	I	W	G	R	Q
E	G	V	L	A	V	L	E	V	C	A	V	A	S	G	D	G	S
S	G	W	W	R	S	W	N	*	A	R	L	R	R	D	M	G	A
TGA	GGG	GGT	GGT	CGC	GCT	GGT	CAA	GAT	GCG	TGC	GTT	GGC	GGC	TAG	GTA	GGG	GCG
	55683		55692		55701		55710		55719		55728						
ACT	CCC	CCA	CCA	GCG	CGA	CCA	GTT	CTA	CGC	ACG	CAA	CCG	CCG	ATC	CAT	CCC	CGC
T	P	P	P	A	R	P	V	L	R	T	Q	P	P	I	H	P	R
L	P	H	Q	R	D	Q	F	Y	A	R	N	R	R	S	I	P	A
S	P	T	S	A	T	S	S	T	H	A	T	A	D	P	S	P	L
G	C	S	S	R	R	T	V	*	T	S	P	G	R	R	S	P	G
G	A	V	Q	G	G	P	*	E	L	V	P	A	E	G	V	P	V
A	R	L	K	V	E	Q	D	S	L	Y	Q	P	R	E	S	Q	S
ACG	GGC	GTT	GAA	CTG	GAG	GAC	CAG	TGA	GTT	CAT	GAC	CCC	GGA	GAG	GCT	GAC	CCT
	55737		55746		55755		55764		55773		55782						
TGC	CCG	CAA	CTT	GAC	CTC	CTG	GTC	ACT	CAA	GTA	CTG	GGG	CCT	CTC	CGA	CTG	GGA
C	P	Q	L	D	L	L	V	T	Q	V	L	G	P	L	R	L	G
A	R	N	L	T	S	W	S	L	K	Y	W	G	L	S	D	W	D
P	A	T	*	P	P	G	H	S	S	T	G	A	S	P	T	G	T
P	R	R	R	V	G	R	R	S	R	T	P	S	W	R	G	G	G
P	G	V	V	Y	E	E	A	H	A	L	Q	R	G	V	G	E	E
R	A	S	S	T	S	R	Q	T	L	S	N	A	V	L	A	R	R
GGC	CCG	GCT	GCT	GCA	TGA	GGA	GAC	GCA	CTC	GCT	CAA	CCG	CTG	GTT	GCG	GGA	GGA
	55791		55800		55809		55818		55827		55836						
CCG	GGC	CGA	CGA	CGT	ACT	CCT	CTG	CGT	GAG	CGA	GTT	GGC	GAC	CAA	CGC	CCT	CCT
P	G	R	R	R	T	P	L	R	E	R	V	G	D	Q	R	P	P
R	A	D	D	V	L	L	C	V	S	E	L	A	T	N	A	L	L
G	P	T	T	Y	S	S	A	*	A	S	W	R	P	T	P	S	S
R	R	G	A	R	G	H	N	G	E	E	R	G	S	H	R	R	R
V	A	D	R	G	A	M	T	E	K	K	A	D	A	I	V	A	V
W	P	T	G	G	P	W	P	K	R	R	R	T	R	*	S	P	S
GGT	GCC	GCA	GGG	CGG	GCC	GGT	ACC	AAA	GGA	AGA	AGC	GCA	GGC	GAT	ACT	GCC	GCT
	55845		55854		55863		55872		55881		55890						
CCA	CGG	CGT	CCC	GCC	CGG	CCA	TGG	TTT	CCT	TCT	TCG	CGT	CCG	CTA	TGA	CGG	CGA
P	R	R	P	A	R	P	W	F	P	S	S	R	P	L	*	R	R
H	G	V	P	P	G	H	G	F	L	L	R	V	R	Y	D	G	D
T	A	S	R	P	A	M	V	S	F	F	A	S	A	M	T	A	T
G	G	R	R	P	G	R	C	R	F	P	R	V	G	F	G	R	R
D	E	A	D	L	D	V	V	A	S	R	A	Y	G	S	G	G	V

T	R	R	T	S	T	W	S	L	P	V	P	T	G	R	V	G	S
GCA	GGA	GGC	GCA	GCT	CCA	GGT	GCT	GTC	GCC	TTG	CCC	GCA	TGG	GGC	TTG	GGG	GCT
	55899			55908			55917			55926			55935			55944	
CGT	CCT	CCG	CGT	CGA	GGT	CCA	CGA	CAG	CGG	AAC	GGG	CGT	ACC	CCG	AAC	CCC	CGA
R	P	P	R	R	G	P	R	Q	R	N	G	R	T	P	N	P	R
V	L	R	V	E	V	H	D	S	G	T	G	V	P	R	T	P	D
S	S	A	S	R	S	T	T	A	E	R	A	Y	P	E	P	P	T
G	R	R	L	R	G	R	D	A	G	P	R	R	A	P	R	C	T
V	G	V	F	A	A	A	T	Q	E	Q	D	A	R	Q	G	V	L
S	G	S	S	P	P	R	P	R	S	R	T	P	A	S	A	S	L
GCT	GGG	GCT	GCT	TCC	GCC	GGC	GCC	AGA	CGA	GGA	CCA	GCC	GCG	CGA	CCG	GCT	GTT
	55953			55962			55971			55980			55989			55998	
CGA	CCC	CGA	CGA	AGG	CGG	CCG	CGG	TCT	GCT	CCT	GGT	CGG	CGC	GCT	GGC	CGA	CAA
R	P	R	R	R	R	P	R	S	A	P	G	R	R	A	G	R	Q
D	P	D	E	G	G	R	G	L	L	L	V	G	A	L	A	D	K
T	P	T	K	A	A	A	V	C	S	W	S	A	R	W	P	T	S
P	R	P	R	A	F	A	R	C	L	R	R	P	R	T	R	R	A
P	A	H	A	L	S	R	G	A	F	D	D	P	G	L	E	G	H
H	P	T	P	S	R	V	G	P	L	T	T	Q	A	S	N	A	T
CAC	CCC	GCA	CCC	GCT	CGC	TTG	CGG	GCC	GTT	TCA	GCA	GAC	CCG	GCT	CAA	GCG	GCA
	56007			56016			56025			56034			56043			56052	
GTG	GGG	CGT	GGG	CGA	GCG	AAC	GCC	CGG	CAA	AGT	CGT	CTG	GGC	CGA	GTT	CGC	CGT
V	G	R	G	R	A	N	A	R	Q	S	R	L	G	R	V	R	R
W	G	V	G	E	R	T	P	G	K	V	V	W	A	E	F	A	V
G	A	W	A	S	E	R	P	A	K	S	S	G	P	S	S	P	C
P	G	K	H	L	E	Q	P	P	R	L	R	E	A	S	A	C	S
L	A	R	T	C	N	R	H	L	G	*	D	K	P	Q	R	V	P
C	P	G	Q	A	I	G	T	S	A	E	I	K	R	S	V	C	L
CGT	CCC	GGG	AAC	ACG	TTA	AGG	ACA	CCT	CCG	GAG	TTA	GAA	AGC	CGA	CTG	CGT	GTC
	56061			56070			56079			56088			56097			56106	
GCA	GGG	CCC	TTG	TGC	AAT	TCC	TGT	GGA	GGC	CTC	AAT	CTT	TCG	GCT	GAC	GCA	CAG
A	G	P	L	C	N	S	C	G	G	L	N	L	S	A	D	A	Q
Q	G	P	C	A	I	P	V	E	A	S	I	F	R	L	T	H	R
R	A	L	V	Q	F	L	W	R	P	Q	S	F	G	*	R	T	G
L	C	L	S	N	V	H	G	Q	G	S	R	R	T	A	G	V	L
S	A	C	H	T	S	M	G	R	G	V	G	G	R	R	G	W	L
L	P	V	T	L	Q	C	A	G	A	W	E	A	A	D	G	G	C
CTC	TCC	GTG	TCA	CTC	AAC	TGT	ACG	GGG	ACG	GGT	GAG	GCG	GCG	CAG	CGG	GGG	TGT
	56115			56124			56133			56142			56151			56160	
GAG	AGG	CAC	AGT	GAG	TTG	ACA	TGC	CCC	TGC	CCA	CTC	CGC	CGC	GTC	GCC	CCC	ACA
E	R	H	S	E	L	T	C	P	C	P	L	R	R	V	A	P	T
R	G	T	V	S	*	H	A	P	A	H	S	A	A	S	P	P	Q
E	A	Q	*	V	D	M	P	L	P	T	P	P	R	R	P	H	K

A G G I S S S G E S P L S A D Y G A
 R V V S Q P P G R L H C H H T M G P
 A C W R N L L V G * I A T I R * V R

 TCG CGT GGT GGC TAA CTC CTC CTG GGG AGT CTA CCG TCA CTA CGC AGT ATG GGC
 56169 56178 56187 56196 56205 56214
 AGC GCA CCA CCG ATT GAG GAG GAC CCC TCA GAT GGC AGT GAT GCG TCA TAC CCG

 S A P P I E E D P S D G S D A S Y P
 A H H R L R R T P Q M A V M R H T R
 R T T D * G G P L R W Q * C V I P G

 F V P R G * R S P W R P G R R S G R
 S S Q G G E A H R G G R G E G R A E
 R L S A A R L T V A V A A R A A L R

 CGC TTC TGA CCG GCG GGA GTC GCA CTG CCG GTG GCG CCG GGA GCG GCG CTC GGA
 56223 56232 56241 56250 56259 56268
 GCG AAG ACT GGC CGC CCT CAG CGT GAC GGC CAC CGC GGC CCT CGC CGC GAG CCT

 A K T G R P Q R D G H R G P R R E P
 R R L A A L S V T A T A A L A A S L
 E D W P P S A * R P P R P S P R A S

 R R E G R W P R G R P G Y G T R P R
 D G S E G G R G G G L A T D L V R A
 T E A R G A V A A G S P R I W Y A P

 GCA GAG GCG AGA GGG GCG GTG CCG GCG GGG GCT CCC GGC ATA GGT CAT GCG CCC
 56277 56286 56295 56304 56313 56322
 CGT CTC CGC TCT CCC CGC CAC GGC CGC CCC CGA GGG CCG TAT CCA GTA CGC GGG

 R L R S P R H G R P R G P Y P V R G
 V S A L P A T A A P E G R I Q Y A G
 S P L S P P R P P P R A V S S T R A

 P L R R P R C S C R S G * P P G R G
 R C V G H G V A V D H V E L R V V G
 A A S A T A S L * M T F R L A S W A

 GCG CCG TCT GCG GCA CCG GCT GTC GAT GTA GCA CTT GGA GTT CCG CCT GGT GCG
 56331 56340 56349 56358 56367 56376
 CGC GGC AGA CGC CGT GGC CGA CAG CTA CAT CGT GAA CCT CAA GGC GGA CCA CGC

 R G R R R G R Q L H R E P Q G G P R
 A A D A V A D S Y I V N L K A D H A
 R Q T P W P T A T S * T S R R T T P

 N P N R P R V R G R R S T R R R C R
 T R T G L G S A G E D L L V A G V D
 R E P E S A P R A R T S F Y P A S M

 GGC AAG CCC AAG GCT CCG GCC TGC GCG GGA GCA GCT CTT CAT GCC GCG GCT GTA
 56385 56394 56403 56412 56421 56430
 CCG TTC GGG TTC CGA GGC CGG ACG CGC CCT CGT CGA GAA GTA CGG CGC CGA CAT

P F G F R G R T R P R R E V R R R H
 R S G S E A G R A L V E K Y G A D I
 V R V P R P D A P S S R S T A P T S

 A C T C S P G S R S R S R P R R P P
 L A R V L L G Q V A V R D L G G L R
 S R V Y L F A R F P * A I S A E S A

 GCT CGC GTG CAT GTT CTT CCG GGA CTT GCC GAT GCG CTA GCT CCG GAG GCT CCG
 56439 56448 56457 56466 56475 56484
 CGA GCG CAC GTA CAA GAA GGC CCT GAA CGG CTA CGC GAT CGA GGC CTC CGA GGC

 R A H V Q E G P E R L R D R G L R G
 E R T Y K K A L N G Y A I E A S E A
 S A R T R R P * T A T R S R P P R R

 P W P A R R R G P P R R R P G S G C
 L G L R E G G V R R D G G H D L V A
 S A L A S A A S G A T A E T T W F R

 CCT CCG GTT CCG CGA GCG GCG GCT GGG CCG CCA GCG GAG GCA CCA GGT CTT GGC
 56493 56502 56511 56520 56529 56538
 GGA GGC CAA GGC GCT CGC CGC CGA CCC GGC GGT CGC CTC CGT GGT CCA GAA CCG

 G G Q G A R R R P G G R L R G P E P
 E A K A L A A D P A V A S V V Q N R
 R P R R S P P T R R S P P W S R T A

 T * C R R S G S W G A R R P G P G R
 H E A D V R G L G V R G G P A Q V A
 M N L M S A V W V L G G E Q P R S R

 GTA CAA GTC GTA GCT GCG CTG GGT CTG GTT GGG CCG GAG GAC CCC GGA CCT GGC
 56547 56556 56565 56574 56583 56592
 CAT GTT CAG CAT CGA CGC GAC CCA GAC CAA CCC GCC CTC CTG GGG CCT GGA CCG

 H V Q H R R D P D Q P A L L G P G P
 M F S I D A T Q T N P P S W G L D R
 C S A S T R P R P T R P P G A W T A

 P G S S G G G S C S T C R G P S P R
 H V L L V E G Q V A R V G V R V R G
 T S W F F R G R F L E Y V * G S E A

 GCA CCT GGT CTT CTT GGA GGG GGA CTT GTC GAG CAT GTG GAT GGG CCT GAG CCG
 56601 56610 56619 56628 56637 56646
 CGT GGA CCA GAA GAA CCT CCC CCT GAA CAG CTC GTA CAC CTA CCC GGA CTC GGC

 R G P E E P P P E Q L V H L P G L G
 V D Q K N L P L N S S Y T Y P D S A
 W T R R T S P * T A R T P T R T R P

 A P L S P T R * R C R R G C * G C R
 P L S H R R V D D V G A D A D G V A
 P C P T V A Y T M S V P T R M V W L

 GCC CGT CCC TCA CTG CCG CAT GCA GTA GCT GTG GCC GCA GGC GTA GTG GGT GTC

56655	56664	56673	56682	56691	56700
CGG GCA GGG AGT	GAC GGC GTA CGT	CAT CGA CAC CGG	CGT CCG CAT CAC	CCA CAG	
R A G S D G V R H R H R R P H H P Q	G Q G V T A Y V I D T G V R I T H S	G R E * R R T S S T P A S A S P T A			
S R R G P R R R S R R W R C R C C R	V E A A P G G V A V V G D V V V V G	S K P P R A E * P * S A M S L S L V			
GCT GAA GCC GCC GGC CCG GAG GAT GCC GAT	GCT GCG GTA GCT GTT GCT GTT GTG	56709	56718	56727	56736
CGA CTT CGG CGG CCG GGC CTC CTA CGG CTA	CGA CGC CAT CGA CAA CGA CAA CAC				
R L R R P G L L R L R R H R Q R Q H	D F G G R A S Y G Y D A I D N D N T	T S A A G P P T A T T P S T T T T P			
G P R G R G R C A R P R C P R R C R	G L V A V A V A R V H G A R D G A V	A W S P W P W P V C T A P V T A P L			
GCG GGT CCT GCC GGT GCC GGT GCC GTG CGT	GCA CCG GCC GTG CCA GCG GCC GTT	56763	56772	56781	56790
CGC CCA GGA CGG CCA CGG CCA CGG CAC GCA	CGT GGC CGG CAC GGT CGC CGG CAA				
R P G R P R P R H A R G R H G R R Q	A Q D G H G H G T H V A G T V A G N	P R T A T A T A R T W P A R S P A T			
R R R R W S P W S R L R G R A S C S	G V A D G L L G L D Y A D A H Q V V	A * P T A L F A L I T P T R T S F L			
GCG GAT GCC GCA GCG GTT CTT CCG GTT CTA	GCA TCC GCA GGC GCA CGA CTT GTT	56817	56826	56835	56844
CGC CTA CGG CGT CGC CAA GAA GGC CAA GAT	CGT AGG CGT CCG CGT GCT GAA CAA				
R L R R R Q E G Q D R R R P R A E Q	A Y G V A K K A K I V G V R V L N N	P T A S P R R P R S * A S A C * T T			
R G P C W R G P R R R C R S P R G S	G A L A G G G L D D G A D V P D G P	E P W P V V A W T T A P M S Q T A R			
GAG GCC GGT CCC GTG GTG GCG GGT CCA GCA	GCG GCC GTA GCT GAC CCA GCG GGC	56871	56880	56889	56898
CTC CGG CCA GGG CAC CAC CGC CCA GGT CGT	CGC CGG CAT CGA CTG GGT CGC CCG				
L R P G H H R P G R R R H R L G R P	S G Q G T T A Q V V A G I D W V A R	P A R A P P P R S S P A S T G S P G			
R R * A P R R W C T G R R R R R C P	V G D L R G D G V H G E A A A G V R				

F	A	T	L	G	A	T	A	L	M	D	R	P	P	P	A	S	V
CTT	GCG	GCA	GTT	CGG	CCG	GCA	GCG	GTT	GTA	CAG	GGA	GCC	GCC	GCC	GCG	GCT	GTG
	56925			56934			56943			56952		56961			56970		
GAA	CGC	CGT	CAA	GCC	GGC	CGT	CGC	CAA	CAT	GTC	CCT	CGG	CGG	CGG	CGC	CGA	CAC
E	R	R	Q	A	G	R	R	Q	H	V	P	R	R	R	R	R	H
N	A	V	K	P	A	V	A	N	M	S	L	G	G	G	A	D	T
T	P	S	S	R	P	S	P	T	C	P	S	A	A	A	P	T	R
G	R	C	P	R	V	C	R	W	P	R	R	R	*	R	R	R	P
G	E	V	R	G	Y	A	V	G	H	G	G	A	D	G	E	G	H
A	R	S	V	A	T	R	L	A	M	A	E	P	T	V	K	A	T
CCG	GGA	GCT	GTG	CCG	GCA	TGC	GTT	GCG	GTA	CCG	GAG	GCC	GCA	GTG	GAA	GCG	GCA
	56979			56988			56997			57006		57015			57024		
GGC	CCT	CGA	CAC	GGC	CGT	ACG	CAA	CGC	CAT	GGC	CTC	CGG	CGT	CAC	CTT	CGC	CGT
G	P	R	H	G	R	T	Q	R	H	G	L	R	R	H	L	R	R
A	L	D	T	A	V	R	N	A	M	A	S	G	V	T	F	A	V
P	S	T	R	P	Y	A	T	P	W	P	P	A	S	P	S	P	W
P	R	C	R	T	S	W	R	R	W	S	T	V	R	V	R	*	R
R	G	A	V	L	R	G	V	G	G	R	P	*	G	C	A	D	G
A	A	P	L	S	D	V	L	A	E	V	L	D	G	A	R	T	V
CCG	CCG	GCC	GTT	GCT	CAG	CTG	GTT	GCG	GAG	GTG	CTC	CAG	TGG	GCG	TGC	GCA	GTG
	57033			57042			57051			57060		57069			57078		
GGC	GGC	CGG	CAA	CGA	GTC	GAC	CAA	CGC	CTC	CAC	GAG	GTC	ACC	CGC	ACG	CGT	CAC
G	G	R	Q	R	V	D	Q	R	L	H	E	V	T	R	T	R	H
A	A	G	N	E	S	T	N	A	S	T	R	S	P	A	R	V	T
R	P	A	T	S	R	P	T	P	P	R	G	H	P	H	A	S	P
P	W	*	P	R	R	S	S	W	S	P	R	W	P	R	S	S	W
L	G	D	R	D	A	R	R	G	A	R	V	G	L	G	A	V	G
S	A	M	V	T	P	A	V	V	L	E	S	A	L	A	P	*	E
GCT	CCG	GTA	GTG	CCA	GCC	GCG	CTG	CTG	GTC	GAG	CCT	GCG	GTT	CCG	GCC	GAT	GAG
	57087			57096			57105			57114		57123			57132		
CGA	GGC	CAT	CAC	GGT	CGG	CGC	GAC	GAC	CAG	CTC	GGA	CGC	CAA	GGC	CGG	CTA	CTC
R	G	H	H	G	R	R	D	D	Q	L	G	R	Q	G	R	L	L
E	A	I	T	V	G	A	T	T	S	S	D	A	K	A	G	Y	S
R	P	S	R	S	A	R	R	P	A	R	T	P	R	P	A	T	P
S	R	S	R	G	R	G	R	R	G	R	N	T	W	*	R	P	R
V	V	A	G	D	E	V	E	E	G	G	T	R	G	D	G	R	G
L	*	P	E	T	R	S	R	K	A	G	P	E	D	M	V	E	A
GTT	GAT	GCC	GAG	GCA	GGA	GCT	GGA	GAA	GCG	GGG	GCC	AAG	CAG	GTA	GTG	GAG	CCG
	57141			57150			57159			57168		57177			57186		
CAA	CTA	CGG	CTC	CGT	CCT	CGA	CCT	CTT	CGC	CCC	CGG	TTC	GTC	CAT	CAC	CTC	GGC
Q	L	R	L	R	P	R	P	L	R	P	R	F	V	H	H	L	G
N	Y	G	S	V	L	D	L	F	A	P	G	S	S	I	T	S	A
T	T	A	P	S	S	T	S	S	P	P	V	R	P	S	P	R	P

S S L R S P S W C W R R Y T S P S G
 P V * A V R R G V G D G T R R H R G
 Q F E L S E A V L V M E P V D I A V

 GAC CTT GAG TTC GCT GAG CCG CTG GTT GTG GTA GAG GCC ATG CAG CTA CCG CTG
 57195 57204 57213 57222 57231 57240
 CTG GAA CTC AAG CGA CTC GGC GAC CAA CAC CAT CTC CGG TAC GTC GAT GGC GAC

 L E L K R L G D Q H H L R Y V D G D
 W N S S D S A T N T I S G T S M A T
 G T Q A T R R P T P S P V R R W R P

 A R P P R R R A G G R R W G R P W G
 R V H R A G G R E V E G G V G R G G
 G C T A P A A A S W R A A L G E A V

 GGG CGT GCA CCG CCC GCG GCG GCG CGA GGT GGA GCG GCG GTT GGG GAG CCG GTG
 57249 57258 57267 57276 57285 57294
 CCC GCA CGT GGC GGG CGC CGC CGC GCT CCA CCT CGC CGC CAA CCC CTC GGC CAC

 P A R G G R R R A P P R R Q P L G H
 P H V A G A A A L H L A A N P S A T
 R T W R A P P R S T S P P T P R P P

 T G P R W P A S T R R W W R R R * W
 R G L D G R R Q R G G G G G A D D G
 G D W T A V A S V D A A V V P T T V

 GGG CAG GGT CCA GCG GTG CCG CGA CTG CAG GCG GCG GTG GTG GCC GCA GCA GTG
 57303 57312 57321 57330 57339 57348
 CCC GTC CCA GGT CGC CAC GGC GCT GAC GTC CGC CGC CAC CAC CGG CGT CGT CAC

 P V P G R H G A D V R R H H R R R H
 P S Q V A T A L T S A A T T G V V T
 R P R S P R R * R P P P P P A S S P

 G R C P S A W G A G T R R G A A R G
 V G A R A R G V P E Q V D A P P V V
 L G P V P E G L R S R Y T P R R C S

 GTT GGG GCC GTG CCC GAG CGG GTT GGC CGA GGA CAT GCA GCC GGC CGC CGT GCT
 57357 57366 57375 57384 57393 57402
 CAA CCC CGG CAC GGG CTC GCC CAA CCG GCT CCT GTA CGT CGG CCG GCG GCA CGA

 Q P R H G L A Q P A P V R R P A A R
 N P G T G S P N R L L Y V G R R H D
 T P A R A R P T G S C T S A G G T T

 G E P G A S R S C R H S C S * R C S
 V R R A R A E L V G T V V R D A V V
 W G G P G R K S F V P S * V I L S L

 GGT GGG AGG CCC GGG CGC GAA GCT CTT GTG GCC ACT GAT GTG CTA GTC GCT GTT
 57411 57420 57429 57438 57447 57456
 CCA CCC TCC GGG CCC GCG CTT CGA GAA CAC CGG TGA CTA CAC GAT CAG CGA CAA

P P S G P A L R E H R * L H D Q R Q
H P P G P R F E N T G D Y T I S D N
T L R A R A S R T P V T T R S A T T

W P R T G P S P R R R R R C R A R P
G R D L G R H R D G A D G A V R G R
E V T S D G T V T E P T E P L A G E

GAG GTG CCA GCT CAG GGG CCA CTG CCA GAG GCC GCA GAG GCC GTT GCG CGG GAG
57465 57474 57483 57492 57501 57510
CTC CAC GGT CGA GTC CCC GGT GAC GGT CTC CGG CGT CTC CGG CAA CGC GCC CTC

L H G R V P G D G L R R L R Q R A L
S T V E S P V T V S G V S G N A P S
P R S S P R * R S P A S P A T R P R

G R R L P G C R G C T C R R G G P G
G E G Y L D V D D V R V D A V E L D
A R A T S T W M T W V Y M P S R W T

CCG GGA GCG GCA TCT CCA GGT GTA GCA GGT GTG CAT GTA GCC GCT GGA GGT CCA
57519 57528 57537 57546 57555 57564
GGC CCT CGC CGT AGA GGT CCA CAT CGT CCA CAC GTA CAT CGG CGA CCT CCA GGT

G P R R R G P H R P H V H R R P P G
A L A V E V H I V H T Y I G D L Q V
P S P * R S T S S T R T S A T S R S

A S R G R R C P T C A * T T R C R R
L Q D G G V A R R V R E L R V A G A
W S I A G S P V A Y V S L D Y P V P

GGT CGA CTA GCG GGG GCT GCC GTG CCG CAT GTG CGA GTT CAG CAT GCC GTG GCC
57573 57582 57591 57600 57609 57618
CCA GCT GAT CGC CCC CGA CGG CAC GGC GTA CAC GCT CAA GTC GTA CGG CAC CGG

P A D R P R R H G V H A Q V V R H R
Q L I A P D G T A Y T L K S Y G T G
S * S P P T A R R T R S S R T A P A

C N P C C * C W T S P S R R R P P P
A T R V V D V G R V R H V G G R L R
P L E S L M L V V Y E T F A E E S A

GCC GTC AAG CCT GTT GTA GTT GTG GTG CAT GAG CCA CTT GCG GAG GAG CCT CCG
57627 57636 57645 57654 57663 57672
CGG CAG TTC GGA CAA CAT CAA CAC CAC GTA CTC GGT GAA CGC CTC CTC GGA GGC

R Q F G Q H Q H H V L G E R L L G G
G S S D N I N T T Y S V N A S S E A
A V R T T S T P R T R * T P P R R R

W R C T S V A P S R C R S S R C R A
G V A R P F Q P H A V V R V V V G P
A L P V H F S R T L S L A F * S V P

CCG GTT GCC GTG CAC CTT TGA CGC CCA CTC GCT GTT GCG CTT GAT GCT GTG GCC

57681	57690	57699	57708	57717	57726
GGC CAA CGG CAC GTG GAA ACT GCG GGT GAG CGA CAA CGC GAA CTA CGA CAC CGG					
G Q R H V E T A G E R Q R E L R H R					
A N G T W K L R V S D N A N Y D T G					
P T A R G N C G * A T T R T T T P G					
C L R R P A A T R A R G S W D * D D					
A Y V G P R Q L E L G G Q G T R T T					
R M S A Q A S C N * G E R V L G L R					
CGC GTA TCT GCG GAC CCG CGA CGT CAA GAT CGG GAG GGA CTG GTC AGG ATC AGC					
57735 57744 57753 57762 57771 57780					
GCG CAT AGA CGC CTG GGC GCT GCA GTT CTA GCC CTC CCT GAC CAG TCC TAG TCG					
A H R R L G A A V L A L P D Q S * S					
R I D A W A L Q F * P S L T S P S R					
A * T P G R C S S S P P * P V L V V					
E R C P V P D R G P W G R P R G V D					
R A A R C R T G V R G V A L V V W T					
G R P V A G P G S G A L R S S S G R					
AGG AGC GCC GTG CCG TGG CCC AGG GCT GGG CCG GTT GGC GCT CCT GCT GGG TGC					
57789 57798 57807 57816 57825 57834					
TCC TCG CGG CAC GGC ACC GGG TCC CGA CCC GGC CAA CCG CGA GGA CGA CCC ACG					
S S R H G T G S R P G Q P R G R P T					
P R G T A P G P D P A N R E D D P R					
L A A R H R V P T R P T A R T T H V					
P G P V G G G A L S D L G A P R P P					
R G R C A A E P L P T S A R Q A P H					
G A G A R R R R C P L R P G S P P T					
AGG CCG GGG CCG TGC GGC GGA GGC CGT TCC CTC AGC TCC GGG CGA CCC GCC CCA					
57843 57852 57861 57870 57879 57888					
TCC GGC CCC GGC ACG CCG CCT CCG GCA AGG GAG TCG AGG CCC GCT GGG CGG GGT					
S G P G T P P P A R E S R P A G R G					
P A P A R R L R Q G S R G P L G G V					
R P R H A A S G K G V E A R W A G W					
Y P T G G G L G K S C P T D G A V C					
T R P A E G W A R R A P P T G L * A					
P V P H R G G L G E L L P H G W S R					
CCC ATG CCC CAC GGA GGG GGG TTC GGG AAG CTC GTC CCC CAC AGG GGT CGA TGC					
57897 57906 57915 57924 57933 57942					
GGG TAC GGG GTG CCT CCC CCC AAG CCC TTC GAG CAG GGG GTG TCC CCA GCT ACG					
G Y G V P P P K P F E Q G V S P A T					
G T G C L P P S P S S R G C P Q L R					
V R G A S P Q A L R A G G V P S Y A					
A A G I P R T G G R A R L R T R R S					
H Q A S P A R V G V P G C D R V A P					

```

M S R R H P A Y G W P G A T A Y P P
---
GTA CGA CGC GGC TAC CCC GCG CAT GGG GGT GCC CGG GCG TCA GCG CAT GCC GCC
57951 57960 57969 57978 57987 57996
CAT GCT GCG CCG ATG GGG CGC GTA CCC CCA CGG GCC CGC AGT CGC GTA CGG CGG
---
H A A P M G R V P P R A R S R V R R
M L R R W G A Y P H G P A V A Y G G
C C A D G A R T P T G P Q S R T A G
---
P S T D P P T R G C H G A D V R P V
L P R T P P H G G A T V P T L V R C
F P V H R P T D A R L S R R * C A A
---
CTT CCC CTG CAC AGC CCC CCA CAG GCG GGC GTC ACT GGC CGC AGT TGT GCG CCG
58005 58014 58023 58032 58041 58050
GAA GGG GAC GTG TCG GGG GGT GTC CGC CCG CAG TGA CCG GCG TCA ACA CGC GGC
---
E G D V S G G V R P Q * P A S T R G
K G T C R G V S A R S D R R Q H A A
R G R V G G C P P A V T G V N T R H
---
E Q G L P A A P G L V S V G R R P G
R R A W P H R R D S S P C G G A R G
G G P G L T G G T R P R V G G P A A
---
TGG AGG ACC GGG TTC CCA CGG CGG CCA GGC TCC TGC CTG TGG GGG GCC GCG CCG
58059 58068 58077 58086 58095 58104
ACC TCC TGG CCC AAG GGT GCC GCC GGT CCG AGG ACG GAC ACC CCC CGG CGC GGC
---
T S W P K G A A G P R T D T P R R G
P P G P R V P P V R G R T P P G A A
L L A Q G C R R S E D G H P P A R P
---
S G C R L G L S R A G G G V G W L G
R G V V C G L A V R V G V W G G C A
G V W L A V W P * A C G W G G G V P
---
GGG CTG GGT GTT GCG TTG GGT TCC GAT GCG CGT GGG GGT GGG TGG GGG GTG TCC
58113 58122 58131 58140 58149 58158
CCC GAC CCA CAA CGC AAC CCA AGG CTA CGC GCA CCC CCA CCC ACC CCC CAC AGG
---
P D P Q R N P R L R A P P P T P H R
P T H N A T Q G Y A H P H P P P T G
R P T T Q P K A T R T P T H P P Q A
---
G C A H A R A G G G G R S * W R R P
A A P M R V R V G V V A P D G G E P
R R L C A C A C G W W R P I V V K P
---
GGC GGC GTC CGT ACG CGT GCG CGT GGG GGT GGT GGC GCC CTA GTG GTG GAA GCC
58167 58176 58185 58194 58203 58212
CCG CCG CAG GCA TGC GCA CGC GCA CCC CCA CCA CCG CGG GAT CAC CAC CTT CGG
---
P P Q A C A R A P P P P R D H H L R
R R P H A H A H P H H R G I T T F G
A A G M R T R T P T T A G S P P S G

```


G W K T G G R G G S V M R G T T R W
 D G N R G A E G G A * W E G L R V G
 T G M E D R R A G R K G N A W D Y A

 CCA GGG GTA AAG CAG GGC GGA GCG GGG GGC GAA TGG TAA GCG GGT CAG CAT GCG
 58221 58230 58239 58248 58257 58266
 GGT CCC CAT TTC GTC CCG CCT CGC CCC CCG CTT ACC ATT CGC CCA GTC GTA CGC

 G P H F V P P R P P L T I R P V V R
 V P I S S R L A P R L P F A Q S Y A
 S P F R P A S P P A Y H S P S R T P

 N G G G P G A A R V L L V T G T D M
 T G A A R G Q R G F W S C P V R T W
 L E R R G A R G G S G P A R Y G H G

 GTC AAG GGC GGC GGG CCG GGA CGG CGG GCT TGG TCC TCG TGC CAT GGG CAC AGG
 58275 58284 58293 58302 58311 58320
 CAG TTC CCG CCG CCC GGC CCT GCC GCC CGA ACC AGG AGC ACG GTA CCC GTG TCC

 Q F P P P G P A A R T R S T V P V S
 S S R R P A L P P E P G A R Y P C P
 V P A A R P C R P N Q E H G T R V H

 G G G G P G W C G C P D G S C G W P
 V E A G R V G V A A L T G P A A G L
 Y R R G G S G L L R L P G R L L G L

 TAT GGA GGC GGG GGG CCT GGG GTT GTC GGC GTT CCC AGG GGC CTC GTC GGG GTT
 58329 58338 58347 58356 58365 58374
 ATA CCT CCG CCC CCC GGA CCC CAA CAG CCG CAA GGG TCC CCG GAG CAG CCC CAA

 I P P P P G P Q Q P Q G S P E Q P Q
 Y L R P P D P N S R K G P R S S P K
 T S A P R T P T A A R V P G A A P R

 C F A C P W Y G G G D G Y G C P A G
 A S R A P G T G A V T A M G A R R V
 P L V R L A L V R W R R W V R V A C

 CCC GTC TTG CGC GTC CCG GTC ATG GGC GGT GGC AGC GGT ATG GGC GTG CCG CGT
 58383 58392 58401 58410 58419 58428
 GGG CAG AAC GCG CAG GGC CAG TAC CCG CCA CCG TCG CCA TAC CCG CAC GGC GCA

 G Q N A Q G Q Y P P P S P Y P H G A
 G R T R R A S T R H R R H T R T A H
 A E R A G P V P A T V A I P A R R T

 P A G P G Y A Y W W G * P E W L G *
 R P G P V T R T G G G R R S G C G R
 G P G R S R V R V V V G V A G V A G

 GGG CCC CGG GGC CCT GGC ATG CGC ATG GTG GTG GGG ATG CCG AGG GTG TCG GGG
 58437 58446 58455 58464 58473 58482
 CCC GGG GCC CCG GGA CCG TAC GCG TAC CAC CAC CCC TAC GGC TCC CAC AGC CCC

P G A P G P Y A Y H H P Y G S H S P
 P G P R D R T R T T T P T A P T A P
 R G P G T V R V P P P L R L P Q P L

 P R G A G T L P T A M P A R T R P M
 R G G R V R * R R R W R R G P G R C
 V A A G C G D V A D G D A G Q D E A

 ATG CCG GCG GGG CGT GGG CAG TTG CCG CAG CGG TAG CCG CGG GAC CAG GAG CCG
 58491 58500 58509 58518 58527 58536
 TAC GGC CGC CCC GCA CCC GTC AAC GGC GTC GCC ATC GGC GCC CTG GTC CTC GGC

 Y G R P A P V N G V A I G A L V L G
 T A A P H P S T A S P S A P W S S A
 R P P R T R Q R R R H R R P G P R H

 R Q K R G A T P S T S P S I A S A C
 G R S E A P R L A P A P V S R A P A
 D E A K Q R G Y P Q H Q S Q D R Q R

 TAG GAG ACG AAA GAC GGC CGG CAT CCC GAC CAC GAC CCT GAC TAG CGC GAC CGC
 58545 58554 58563 58572 58581 58590
 ATC CTC TGC TTT CTG CCG GCC GTA GGG CTG GTG CTG GGA CTG ATC GCG CTG GCG

 I L C F L P A V G L V L G L I A L A
 S S A F C R P * G W C W D * S R W R
 P L L S A G R R A G A G T D R A G A

 I L F R P S R P L P M A I A P E T S
 S * S A P R A L C P C P S L R N P A
 L D L L P A L S A L A H R Y G T R H

 GTC TAG TTC TTC GCC CCG CTC GCT CCG TTC CCG TAC CGC TAT CGG CCA AGC CAC
 58599 58608 58617 58626 58635 58644
 CAG ATC AAG AAG CGG GGC GAG CGA GGC AAG GGC ATG GCG ATA GCC GGT TCG GTG

 Q I K K R G E R G K G M A I A G S V
 R S R S G A S E A R A W R * P V R C
 D Q E A G R A R Q G H G D S R F G A

 E Q T P S T R H V T D S D V P K V E
 R R R R V R G T S P T A T W P S * R
 E G A D S E D Q P R H R Q G R A E G

 GAG AGG ACG CAG CCT GAG CAG GAC ACC TGC CAC AGC GAC AGG TGC CCG AAG TGG
 58653 58662 58671 58680 58689 58698
 CTC TCC TGC GTC GGA CTC GTC CTG TGG ACG GTG TCG CTG TCC ACG GGC TTC ACC

 L S C V G L V L W T V S L S T G F T
 S P A S D S S C G R C R C P R A S P
 L L R R T R P V D G V A V H G L H L

 S T T S P K L S A A L P S P V G * A
 R R R R R S * P R R S R R P C G R R
 G V D D V A E L V G R A A L A G G V

 AGG CTG CAG CAG CTG CCG AAG TTC CTG CGG CGC TCG CCG CTC CCG TGG GGG ATG

58707 58716 58725 58734 58743 58752
 TCC GAC GTC GTC GAC GGC TTC AAG GAC GCC GCG AGC GGC GAG GGC ACC CCC TAC

 S D V V D G F K D A A S G E G T P Y
 P T S S T A S R T P R A A R A P P T
 R R R R R L Q G R R E R R G H P L R

 R A L P S Q K S E A V S V R S P A A
 G R W P R S S R S P S R C G P P R P
 G E G L A V A E V R R G V G Q L A R

 CGG GAG CGG TTC CCG CTG ACG AAG CTG AGC CGC TGG CTG TGG GAC CTC CCG CGC
 58761 58770 58779 58788 58797 58806
 GCC CTC GCC AAG GGC GAC TGC TTC GAC TCG GCG ACC GAC ACC CTG GAG GGC GCG

 A L A K G D C F D S A T D T L E G A
 P S P R A T A S T R R P T P W R A R
 P R Q G R L L R L G D R H P G G R G

 * S T S S T G Q E A A C S P S T N A
 R R R P R P A R S R R A R R R P T R
 G V V H V L H G A G G R V V A L H E

 CGG ATG CTG CAC CTG CTC CAC GGG ACG AGG CGG CGC GTG CTG CCG CTC CAC AAG
 58815 58824 58833 58842 58851 58860
 GCC TAC GAC GTG GAC GAG GTG CCC TGC TCC GCC GCG CAC GAC GGC GAG GTG TTC

 A Y D V D E V P C S A A H D G E V F
 P T T W T R C P A P P R T T A R C S
 L R R G R G A L L R R A R R R G V R

 T T V R G P P A K G P S S S S V R V
 P R * G G R R R R G P R R R V * G S
 R D D G E G A A G E R A V V F E G P

 CGC CAG CAG TGG GAG GGG CCG CCG CGG AAG GGC CCG CTG CTG CTT GAG TGG GCC
 58869 58878 58887 58896 58905 58914
 GCG GTC GTC ACC CTC CCC GGC GGC GCC TTC CCG GGC GAC GAC GAA CTC ACC CGG

 A V V T L P G G A F P G D D E L T R
 R S S P S P A A P S R A T T N S P G
 G R H P P R R R L P G R R R T H P D

 A S S L H * A S E A A V G H V G P G
 R R P C T N R A R R R * A M S V Q A
 G G L V L T V R E G G S R W P C R P

 TGG CGG CTC CTG TTC ACA ATG CGC GAG AGG CGG CGA TGC GGT ACC TGT GGA CCC
 58923 58932 58941 58950 58959 58968
 ACC GCC GAG GAC AAG TGT TAC GCG CTC TCC GCC GCT ACG CCA TGG ACA CCT GGG

 T A E D K C Y A L S A A T P W T P G
 P P R T S V T R S P P L R H G H L G
 R R G Q V L R A L R R Y A M D T W A

 Y R V V R V D V V E D R G A L A P A
 T G S S A S T * * K M G V R W L Q R

R	V	P	R	R	P	R	R	S	S	*	G	S	G	G	S	S	A
GGC	ATG	GCC	TGC	TGC	GCC	TGC	AGA	TGA	TGA	AGT	AGG	GCT	GGG	CGG	TCT	CGA	CCG
	58977				58986			58995		59004			59013			59022	
CCG	TAC	CGG	ACG	ACG	CGG	ACG	TCT	ACT	ACT	TCA	TCC	CGA	CCC	GCC	AGA	GCT	GGC
P	Y	R	T	T	R	T	S	T	T	S	S	R	P	A	R	A	G
R	T	G	R	R	G	R	L	L	L	H	P	D	P	P	E	L	A
V	P	D	D	A	D	V	Y	Y	F	I	P	T	R	Q	S	W	R
E	A	V	A	L	D	G	A	Q	E	A	G	R	L	V	V	A	L
K	P	S	R	S	I	V	Q	R	N	P	A	V	C	S	S	P	L
S	R	R	G	R	S	*	R	G	T	R	R	W	A	P	R	R	C
CGA	AGC	CGC	TGG	CGC	TCT	AGT	GGA	CGG	ACA	AGC	CGC	GGT	GCG	TCC	TGC	TGC	CGT
	59031				59040			59049		59058			59067			59076	
GCT	TCG	GCG	ACC	GCG	AGA	TCA	CCT	GCC	TGT	TCG	GCG	CCA	CGC	AGG	ACG	ACG	GCA
A	S	A	T	A	R	S	P	A	C	S	A	P	R	R	T	T	A
L	R	R	P	R	D	H	L	P	V	R	R	H	A	G	R	R	Q
F	G	D	R	E	I	T	C	L	F	G	A	T	Q	D	D	G	K
Q	G	A	*	Q	A	A	V	R	R	C	E	V	G	V	L	D	G
S	V	P	E	S	R	L	S	G	V	V	S	S	A	S	W	T	A
A	S	R	S	V	A	C	R	G	S	S	V	R	R	R	G	P	R
TCG	ACT	GGC	CGA	GTG	ACG	CGT	CGC	TGG	GCT	GCT	GTG	AGC	TGC	GGC	TGG	TCC	AGC
	59085				59094			59103		59112			59121			59130	
AGC	TGA	CCG	GCT	CAC	TGC	GCA	GCG	ACC	CGA	CGA	CAC	TCG	ACG	CCG	ACC	AGG	TCG
S	*	P	A	H	C	A	A	T	R	R	H	S	T	P	T	R	S
A	D	R	L	T	A	Q	R	P	D	D	T	R	R	R	P	G	R
L	T	G	S	L	R	S	D	P	T	T	L	D	A	D	Q	V	A
E	E	G	R	G	V	G	D	V	G	R	Q	V	L	L	R	L	F
K	R	E	A	V	L	A	T	S	V	A	S	Y	S	S	G	S	S
R	G	R	R	S	W	R	R	R	C	R	A	T	R	P	A	P	P
GGA	AGG	AGA	GGC	GCT	GGT	TGC	GGC	AGC	TGT	GGC	GCG	ACA	TGC	TCC	TCG	GCC	TCC
	59139				59148			59157		59166			59175			59184	
CCT	TCC	TCT	CCG	CGA	CCA	ACG	CCG	TCG	ACA	CCG	CGC	TGT	ACG	AGG	AGC	CGG	AGG
P	S	S	P	R	P	T	P	S	T	P	R	C	T	R	S	R	R
L	P	L	R	D	Q	R	R	R	H	R	A	V	R	G	A	G	G
F	L	S	A	T	N	A	V	D	T	A	L	Y	E	E	P	E	E
V	R	L	V	V	Q	G	R	V	L	G	P	R	L	V	D	V	G
Y	A	S	S	S	R	A	A	F	L	A	Q	A	F	S	T	W	A
I	R	P	P	R	G	P	R	S	C	P	R	P	S	P	R	G	R
TTA	TGC	GCC	TCC	TGC	TGG	ACC	GGC	GCT	TGT	TCC	GGA	CCC	GCT	TCC	TGC	AGG	TGC
	59193				59202			59211		59220			59229			59238	
AAT	ACG	CGG	AGG	ACG	ACC	TGG	CCG	CGA	ACA	AGG	CCT	GGG	CGA	AGG	ACG	TCC	ACG
N	T	R	R	T	T	W	P	R	T	R	P	G	R	R	T	S	T
I	R	G	G	R	P	G	R	E	Q	G	L	G	E	G	R	P	R
Y	A	E	D	D	L	A	A	N	K	A	W	A	K	D	V	H	A

H E A L L D L A A R V C S A S P R R
T S P S C I S P Q A S V A P R L A G
R A R R A S R P S R P C L Q G F P A

GGC ACG AGC CGC TCG TCT AGC TCC CGA CGC GCC TGT GTC GAC CGG CTT CCC GCG
59247 59256 59265 59274 59283 59292
CCG TGC TCG GCG AGC AGA TCG AGG GCT GCG CGG ACA CAG CTG GCC GAA GGG CGC

P C S A S R S R A A R T Q L A E G R
R A R R A D R G L R G H S W P K G A
V L G E Q I E G C A D T A G R R A P

R A P R R D P R P S P P R G S P S P
G L R D G I Q D L L H L V G P L V P
A S G T A S R T S S I S S A R F S Q

GCG GCT CGG CCA GCG GCT AGA CCA GCT CCT CTA CCT CCT GCG GGC CTT CCT GAC
59301 59310 59319 59328 59337 59346
CGC CGA GCC GGT CGC CGA TCT GGT CGA GGA GAT GGA GGA CGC CCG GAA GGA CTG

R R A G R R S G R G D G G R P E G L
A E P V A D L V E E M E D A R K D W
P S R S P I W S R R W R T P G R T G

S P P P P W S R P C T S C T S R C R
R L R R R G R V R V R V V R V V V A
A F A A A A V F A S V Y * V Y * S L

CCG CTT CCG CCG CCG CCG GTG CTT GCG CCT GTG CAT GAT GTG CAT GAT GCT GTC
59355 59364 59373 59382 59391 59400
GGC GAA GGC GGC GGC GGC CAC GAA CGC GGA CAC GTA CTA CAC GTA CTA CGA CAG

G E G G G G H E R G H V L H V L R Q
A K A A A A T N A D T Y Y T Y Y D S
R R R R R P R T R T R T T R T T T A

I R T R R R G R S R * R A C P E P G
S V L V D V A G R G D G R A L S Q A
P Y S Y T S P G A V T V A R L A R P

GCC TAT GCT CAT GCA GCT GCC GGG GCG CTG GCA GTG GCG CGC GTT CCG AGA CCC
59409 59418 59427 59436 59445 59454
CGG ATA CGA GTA CGT CGA CGG CCC CGC GAC CGT CAC CGC GCG CAA GGC TCT GGG

R I R V R R R P R D R H R A Q G S G
G Y E Y V D G P A T V T A R K A L G
D T S T S T A P R P S P R A R L W A

P C W R A T T R P P G R C R R C R S
Q V G G H R R V L L V G A G A V A P
R S V V T G D Y S S S G P V P S L P

GGA CCT GTG GTG GCA CGG CAG CAT GCT CCT CCT GGG GCC GTG GCC GCT GTC GCC
59463 59472 59481 59490 59499 59508
CCT GGA CAG CAC CGT GCC GTC GTA CGA GGA GGA CCC CGG CAC CGG CGA CAG CGG

P G H H R A V V R G G P R H R R Q R
 L D T T V P S Y E E D P G T G D S G
 W T P P C R R T R R T P A P A T A G

 R P R C R R R G * H T L P P T L A A
 A L A A A A A A E I H S R L H S R P
 L S P P L P P P R L T H A S T H A R

 CTC GCT CCC GCC GTC GCC GCC GCC GGA GTT ACA CAC TCG CCT CCA CAC TCG CGC
 59517 59526 59535 59544 59553 59562
 GAG CGA GGG CGG CAG CGG CGG CGG CCT CAA TGT GTG AGC GGA GGT GTG AGC GCG

 E R G R Q R R R P Q C V S G G V S A
 S E G G S G G G L N V * A E V * A R
 A R A A A A A A S M C E R R C E R G

 I A P L F H R R L A R R V C L D D C
 * L P S F T G A Y L G G C A C T M V
 S Y R P S L A Q T F G E A R V L * *

 CGA TAT CGC CCC TCT TTC ACG GAC GCA TTT CGG GAG GCG TGC GTG TTC AGT AGT
 59571 59580 59589 59598 59607 59616
 GCT ATA GCG GGG AGA AAG TGC CTG CGT AAA GCC CTC CGC ACG CAC AAG TCA TCA

 A I A G R K C L R K A L R T H K S S
 L * R G E S A C V K P S A R T S H H
 Y S G E K V P A * S P P H A Q V I T

 R T I R Q G K S A R S L G P N G P Q
 D L S E R A K A Q V P C G L T A L S
 M S H N E P R Q K C P V V W P Q W A

 GTA GCT CAC TAA GAG ACC GGA AAC GAA CGT GCC CTG TTG GGT CCC AAC GGT CCG
 59625 59634 59643 59652 59661 59670
 CAT CGA GTG ATT CTC TGG CCT TTG CTT GCA CGG GAC AAC CCA GGG TTG CCA GGC

 H R V I L W P L L A R D N P G L P G
 I E * F S G L C L H G T T Q G C Q A
 S S D S L A F A C T G Q P R V A R L

 Q Q R Y L S I P A A L S K R H A A P
 N S D T C A S P L P W H S E T L L R
 T A T Q V L Q H S R G T V K P S C G

 ACA ACG ACA GAC ATG TTC GAC TAC CCT CGC CGG TCA CTG AAA GCC ACT CGT CGG
 59679 59688 59697 59706 59715 59724
 TGT TGC TGT CTG TAC AAG CTG ATG GGA GCG GCC AGT GAC TTT CGG TGA GCA GCC

 C C C L Y K L M G A A S D F R * A A
 V A V C T S * W E R P V T F G E Q P
 L L S V Q A D G S G Q * L S V S S R

 T G A R R P H D G C S S R * R N V A
 H V Q A D R T I E A L L D D V T * Q
 T Y R R T A P S R R L F I T L P E S

 CCA CAT GGA CGC GCA GCG CCC ACT AGA GGC GTT CTT CTA GCA GTT GCC AAG TGA

59733	59742	59751	59760	59769	59778
GGT GTA CCT GCG CGT CGC GGG TGA TCT CCG CAA GAA GAT CGT CAA CGG TTC ACT					

G V P A R R G * S P Q E D R Q R F T					
V Y L R V A G D L R K K I V N G S L					
C T C A S R V I S A R R S S T V H C					
V A C G G G T G P W S G					
W R V G A E R G L G P D					
G G C V R R G D W A L I					

CGG TGG CGT GTG GGC GGA GGG CAG GGT CCG GTC CTA GG 5'					
59787	59796	59805	59814		
GCC ACC GCA CAC CCG CCT CCC GTC CCA GGC CAG GAT CC 3'					

A T A H P P P V P G Q D					
P P H T R L P S Q A R I					
H R T P A S R P R P G S					

Abb. 109



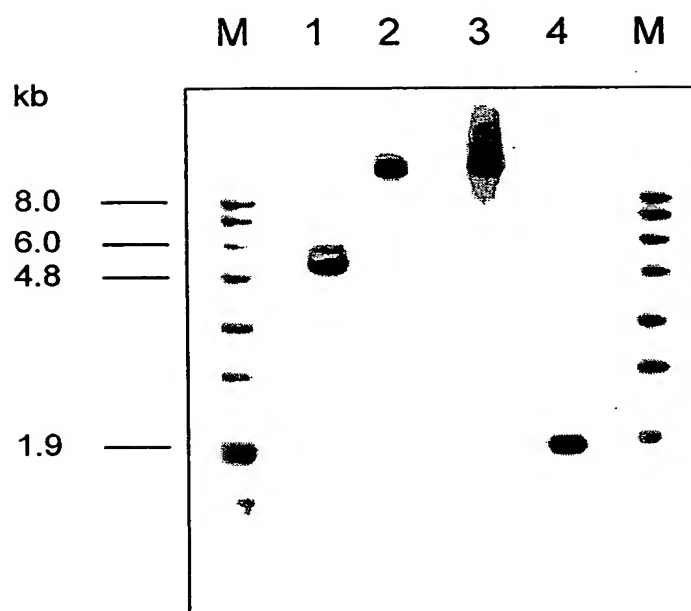
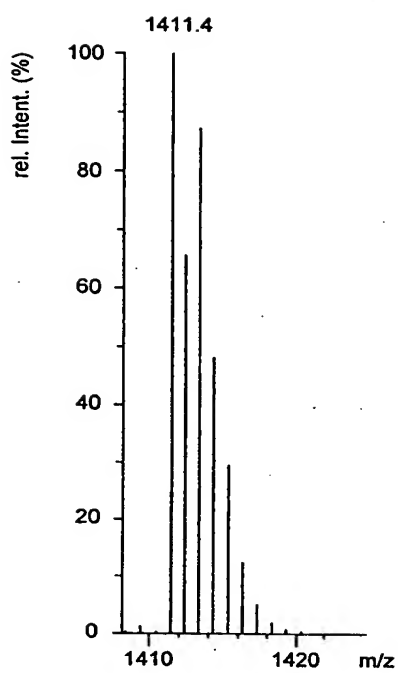
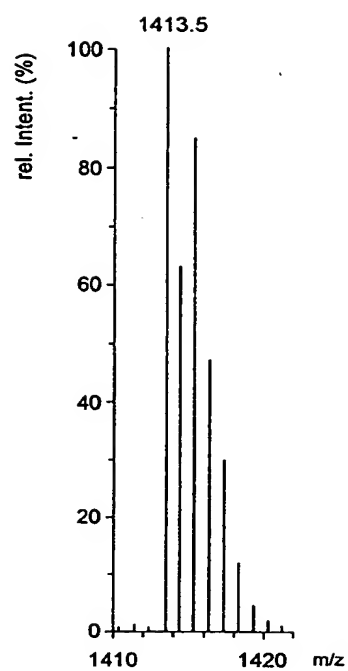


Abb. 110

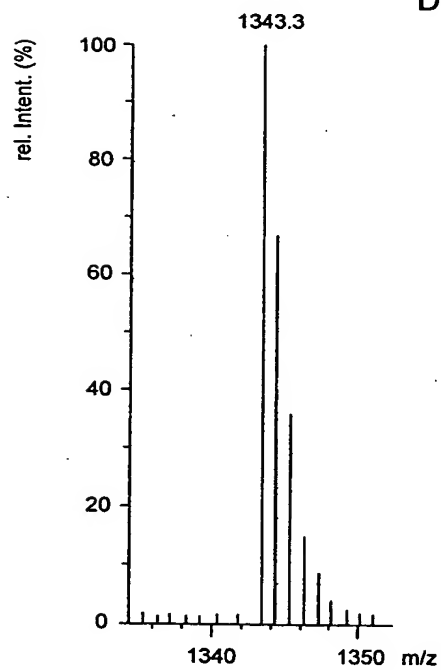
A



B



C



D

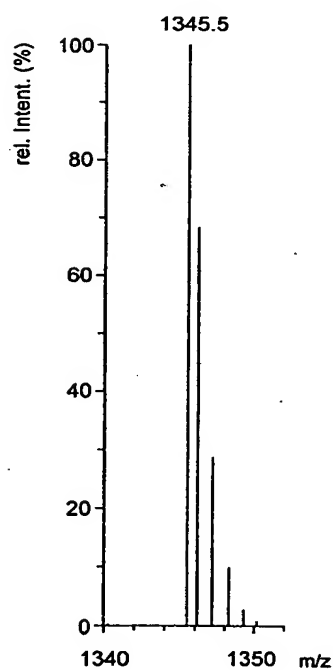


Abb. 114

M=436

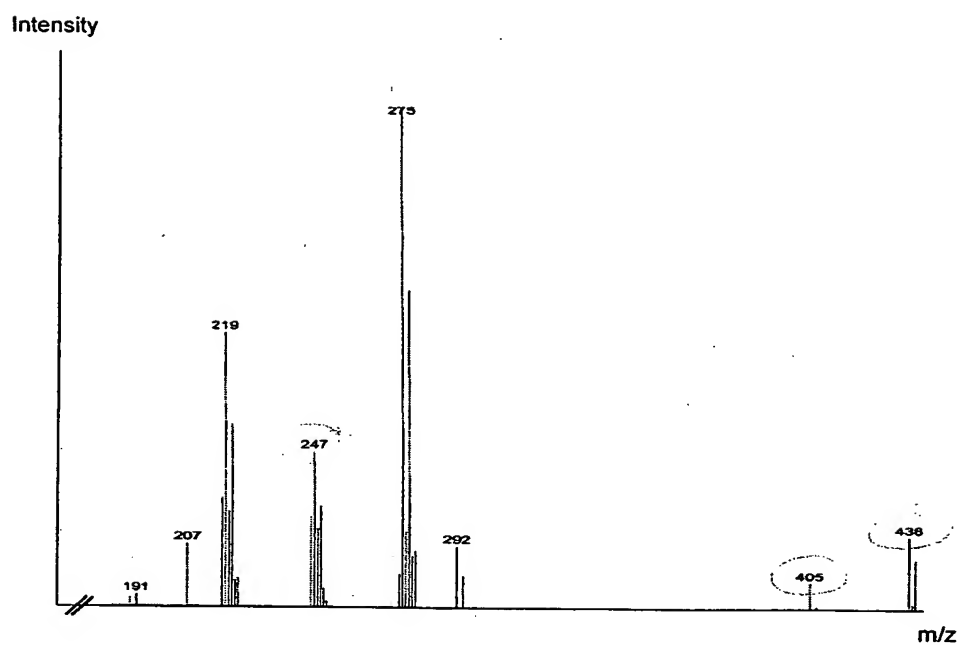
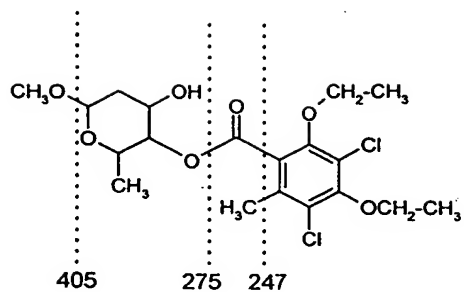


Abb. 112